

15.04.2003

13 SEP 2004



REC'D 08 MAY 2003	
WIPO	PCT

**Prioritätsbescheinigung über die Einreichung
einer Patentanmeldung**

Aktenzeichen: 102 11 063.8

Anmeldetag: 13. März 2002

Anmelder/Inhaber: AXARON Bioscience AG,
Heidelberg, Neckar/DE

Bezeichnung: Neue Verfahren zur Detektion und Analyse von
Protein-Interaktionen in vivo

IPC: C 12 Q, C 12 N

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

München, den 03. April 2003
Deutsches Patent- und Markenamt
Der Präsident
Im Auftrag

Faust
Faust

**PRIORITY
DOCUMENT**

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

BEST AVAILABLE COPY

5 **Neue Verfahren zur Detektion und Analyse von Protein-Interaktionen in vivo**

Die Erfindung betrifft diverse Verfahren zur Detektion und zur Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle, bei denen das Auftreten einer spezifischen Protein-Interaktion in ein permanentes Detektionssignal mittels der Protein-Interaktions-abhängigen Bereitstellung einer Rekombinase- oder Protease-Aktivität, umgesetzt wird. Das Detektionssignal ist hierbei gegenüber der Reporter-Gen-Aktivierung durch klassische Transkriptionsaktivierung von Reporter-Genen amplifiziert.

15 Weiterhin betrifft die Erfindung Zellen ausgewählt aus der Gruppe der Bakterien- und Hefenzellen und Zellen von höheren eukaryontischen Zelllinien aus der Gruppe der Nager und aus Homo sapiens, die mit mindestens einem Expressionsvektor umfassend mindestens ein Konstrukt zur Expression der Komponenten, die zur Durchführung der erfindungsgemäßen Verfahren unerlässlich sind, entweder stabil oder transient transfiziert
20 sind.

Ein weiterer Aspekt der Erfindung betrifft einen Kit zur Durchführung der oben genannten Verfahren.

25 Das erfindungsgemäße Verfahren ermöglicht insbesondere den Nachweis der Dynamik von spezifischen Protein-Interaktionen. Sowohl das Zustandekommen wie auch die induzierte Dissoziation von Interaktionspartnern sind nachweisbar. Die Interaktionspartner können in direktem Kontakt stehen oder Teil eines Proteinkomplexes sein. Das Verfahren ist besonders geeignet für den Nachweis von transienten Interaktionen, sehr schwachen
30 Interaktionen oder solchen, die durch einen zellulären Stimulus oder eine Substanz induziert werden.

Nahezu alle biologischen Prozesse in lebenden Organismen werden durch die Funktion von spezifisch interagierenden Proteinen gesteuert. Die gezielte Analyse von Protein-

Interaktionen ermöglicht die Isolierung und Zuordnung unbekannter Proteine zu Funktionsgruppen und die Aufklärung des molekularen Wirkmechanismus bekannter Proteine. Die zelluläre Signaltransduktion, welche die Übertragung von extrazellulären Signalen in spezifische intrazelluläre Veränderungen beinhaltet, ist der Schlüsselmechanismus zur Steuerung einer Zelle während der Entwicklung und bei der Reaktion auf Umweltveränderungen. Die Übertragung dieser Signale wird durch streng regulierte Kaskaden von spezifisch interagierenden Proteinen gesteuert. Darüberhinaus werden nahezu alle wichtigen zellulären Funktionen, die meist an die Signaltransduktion gekoppelt sind, durch kontrollierte Protein-Interaktionen ausgeführt (Pawson and Scott 1997). Diese umfassen u.a. die Steuerung des Zell-Zyklus, Proteinsynthese und -degradation, Verhinderung bzw. Einleitung von Apoptose, Transportvorgänge, Reizerkennung und Weiterleitung, Gen-Expression, mRNA-Prozessierung, DNA-Synthese und -Reparatur sowie den gesamten Energiemetabolismus. All diese Prozesse sind sehr dynamisch, d.h. sie unterliegen Veränderungen, die eingebettet sind in den Gesamtzustand der Zelle. Auf Proteinebene wird dies wiedergespiegelt durch die regulierte Veränderung der Zusammensetzung der funktionsausführenden Komplexe (Ashman, Moran et al. 2001).

Proteine und deren Interaktionen unterliegen starken und dynamischen Veränderungen in der Zelle, die häufig durch Signaltransduktionskaskaden verursacht werden. Durch allosterische Effekte oder Änderung der intrazellulären Lokalisation kann sich auch ihre Funktion bzw. die Zusammensetzung von Proteinkomplexen wandeln. Die Regulation der Funktion von Proteinen ist in besonderem Maße abhängig von der Aktivierung durch Enzyme der Signaltransduktionskaskaden, die Protein-Modifikationen an spezifischen Zielproteinen katalysieren. Post-translationale Modifikationen haben oft dramatischen Einfluß auf die Aktivität einer Vielzahl von Proteinen. Regulierte Protein-Phosphorylierung, -Acetylierung, -Methylierung, -Sulfatidierung, -Acylierung - Prenylierung, -Ribosylierung, -Glykosylierung, -Ubiquitinierung oder proteolytische Aktivierung und Inaktivierung sind bekannte Modifikationen, deren Wirkungen und Regulationsmechanismen teilweise nur wenig verstanden sind. Modifikationsabhängige Proteininteraktionen sind für eine Vielzahl von Transduktionswegen bei verschiedenen zellulären Anpassungsereignissen beschrieben (Hunter 2000).

Die Aktivierung bzw. Deaktivierung bestimmter Signaltransduktionskaskaden muß in der Zelle sowohl zeitlich als auch in ihrer Ausprägung genau kontrolliert werden. Eine Vielzahl pathologischer Abläufe in Zellen wird durch eine Störung in der Kontrolle der

Signaltransduktion verursacht und kann zu Stoffwechselerkrankungen, Kanzerogenese, immunologischen Erkrankungen oder zu neurologischen Defiziten führen. Solche pathologischen Abläufe können insbesondere durch spezifische Mutationen in den Genen kodierend für Proteine mit wichtiger Funktion in der neuronalen Signaltransduktion verursacht werden. So verändern beispielsweise bestimmte Mutationen in den Genen der NMDA-Rezeptor-Untereinheiten die Zusammensetzung und die Signaleigenschaften des NMDA-Rezeptor-Proteinkomplexes (Migaud, Charlesworth et al. 1998). Molekulare Mechanismen, die für die genaue zeitliche Kontrolle von zellulären Ereignissen verantwortlich sind und oftmals durch Rückkopplungsmechanismen gesteuert werden, sind erst in Anfängen verstanden (Marshall 1995). Zeitlich begrenzte, z.B. durch reversible post-translationale Modifikationen kontrollierte Protein-Protein Interaktionen üben hierbei eine Schlüsselfunktion aus (Yasukawa, Sasaki et al. 2000)(Hazzalin and Mahadevan 2002).

- 15 Zur Identifizierung und Analyse regulierter, zeitlich begrenzter oder modifikations-abhängiger Protein Interaktionen fehlen derzeit geeignete Methoden.

Zur Charakterisierung von Protein-Protein Interaktionen sind eine Vielzahl von Methoden beschrieben.

20

Biochemische Methoden der Proteinaufreinigung gekoppelt an massenspektrometrische Analyseverfahren ermöglichen die Charakterisierung von Proteinkomplexen (Ashman, Moran et al. 2001). So konnte z.B. mit Hilfe einer Tandem-Affinitäts Aufreinigung (TAP) (Rigaut, Shevchenko et al. 1999), denaturierender eindimensionaler Gelelektrophorese und tryptischem Verdau von Einzelbanden in Kombination mit massenspektrometrischer Analyse eine Vielzahl von Proteinkomplexen aus Hefe isoliert und deren Komponenten bestimmt werden (Gavin, Bosche et al. 2002). Unter Verwendung eines optimierten Immunpräzipitationsprotokolls, Massenspektrometrie und der "Western Blot"-Technik konnte eine Vielzahl der Komponenten des neuronalen NMDA Rezeptor Signalverarbeitungs-Komplexes charakterisiert werden (Husi, Ward et al. 2000). Für die Analyse von stabilen und statischen Proteinkomplexen scheinen diese biochemisch-biophysikalischen Verfahren besonders gut geeignet zu sein, weisen allerdings einige experimentelle und prinzipielle Nachteile auf. So ist für alle biochemischen Verfahren der experimentelle Aufwand und die Menge an benötigtem biologischen Ausgangsmaterial

30

sehr hoch. Zudem ist es für bereits optimierte Aufreinigungsverfahren (z.b. die TAP-Methode) notwendig, die entsprechenden Fusionsproteine transgen in den Organismen der Wahl stabil zu exprimieren. Bei der Analyse komplexer Gewebe können schwach exprimierte oder zelltyp-spezifisch exprimierte Proteine leicht unter die Detektionsgrenze fallen. Ein grundsätzlicher Nachteil aller biochemischer Methoden ergibt sich aus der Notwendigkeit des Zellaufschlusses bzw. der Solubilisierung großer Membrankomplexe. Schwache oder transiente Interaktionen können im Zuge der meist mehrere Schritte umfassenden biochemischen Aufarbeitung leicht verloren gehen (Ashman, Moran et al. 2001). Analysen der Interaktionen von Proteinen mit extremen physiko-chemischen Eigenschaften, wie z.B. von Membranproteinen oder von Proteinen mit hoher Gesamtladung, bedürfen jeweils eines optimierten Protokolls oder sind in Einzelfällen nicht möglich.

Bisherige massenspektrometrische Methoden sind zur Charakterisierung von post-translational modifizierten Proteinen nur bedingt geeignet, da Modifikationen wie spezifische Phosphatreste während der Fragmentation leicht verloren gehen können (Ashman, Moran et al. 2001). Zusammensetzung und funktionelle Aktivität von Proteinkomplexen unterliegen einer steten Dynamik und werden durch eine Vielfalt von Regulationsmechanismen kontrolliert. Zudem wurde in jüngster Zeit deutlich, dass spezifische physiko-chemische Eigenschaften oder spezifische Umgebungen, wie z.B. spezifische Membrantopologien und -zusammensetzungen Protein-Protein Interaktionen stark beeinflussen. So spielt z.B. die Lipidzusammensetzung der unterschiedlichen intrazellulären Membransysteme eine große Rolle bei der Zusammensetzung von Proteinkomplexen (Huttner and Schmidt 2000). Sogenannte „Lipid-rafts“, Subdomänen in der Zellmembran, erlauben aufgrund ihrer besonderen molekularen Zusammensetzung gänzlich andere Interaktionen als benachbarte Bereiche in der Lipid-Doppelschicht (Simons and Ikonen 1997). Zur Detail-Analyse der spezifischen Interaktionen oder Interaktionsdomänen von Proteinen innerhalb eines Komplexes, oder zur Analyse möglicher transienter Interaktionen assoziierter Proteine sind biochemische Verfahren wegen des relativ hohen experimentellen Aufwands nur bedingt geeignet.

Mikroarrays sind ein weiteres Werkzeug zur systematischen Analyse von Protein-Protein-Interaktionen, Protein-Peptid-Interaktionen oder der Interaktionen von Proteinen mit niedermolekularen Substanzen. Bei dieser Methode werden in vitro translatierte oder rekombinant produzierte Proteine bzw. Peptide, Antikörper, spezifische Liganden oder niedermolekulare Substanzen in Analogie zu DNA-Mikroarrays auf ein Trägermaterial aufgebracht. Komplexe Proteinmischungen oder Substanzbibliotheken können somit

simultan u.a. nach spezifischen Interaktionen durchmustert werden (Ashman, Moran et al. 2001)(Xu, Piston et al. 1999). Die vollständig in vitro durchgeführten Analysen mit Protein- oder Substanzarrays haben jedoch ebenfalls große Nachteile. So werden Proteine bei dieser Methode unter vollkommen artifiziellen Bedingungen hergestellt oder analysiert.

5 Weiterhin werden die Anwendungsmöglichkeiten dieser Array-basierten in vitro Analysemethoden zur Detektion und zur Analyse von Protein-Interaktionen durch das Auftreten von hohen unspezifischen Hintergrundsignalen, durch die begrenzte Sensitivität und durch Schwierigkeiten bei der Detektion von Proteinen mit bestimmten physiko-chemischen Eigenschaften stark eingeschränkt (Ashman, Moran et al. 2001).

10 Es sind weiterhin diverse Verfahren bekannt, bei denen Protein-Interaktionen in der Zelle - und damit in vivo - durch die indirekte Aktivierung genetischer Reporter detektiert werden. Die meisten der gängigen Verfahren sind auf den Nachweis binärer Proteininteraktionen im Karyoplasma beschränkt und beruhen auf der funktionalen Modularität von
15 Transkriptionsfaktoren, wie beispielsweise das 2-Hybrid-System in Hefen (Fields and Song 1989). Beim 2-Hybrid-System werden in Hefezellen ein oder mehrere Proteine oder Proteinabschnitte als Fusionsproteine mit einem DNA-Bindungsprotein ohne Transaktivierungsfähigkeit exprimiert und als sogenannter Köder (Bait) zur Detektion interagierender Komponenten eingesetzt. Ein zweites Protein oder Proteinfragment wird
20 als Fusionsprotein mit einer transkriptionellen Transaktivierungsdomäne exprimiert und stellt die sogenannte Beute-Komponente (Prey) dar. Die sogenannte Beute- bzw. Prey-Komponente ist häufig ein Fusionsprotein, das neben der transkriptionellen Transaktivierungsdomäne ein Genprodukt einer komplexen cDNA-Bibliothek umfaßt. Bei Interaktion des bait- und prey-Fusionsproteins kommt es zu einer funktionalen Rekonstituierung des aktivierenden Transkriptionsfaktors. Als Reporter-Gene werden beim
25 2-Hybrid-System Enzyme verwendet, mit denen die Protein-Interaktion entweder durch eine Wachstumsselektion oder durch einen einfachen kolorimetrischen Test nachgewiesen werden können und die sehr sensitiv sind. Ein beim 2-Hybrid-System häufig verwendetes Reporter-Gen, das eine positive Wachstumsselektion von Zellen mit spezifischen Protein-Protein-Interaktionen ermöglicht, ist das Histidin 3-Gen, welches ein essentielles Enzym zur biosynthetischen Herstellung von Histidin darstellt und dessen Protein-Protein-Interaktions-abhängige Expression das Wachstum der Zellen auf Histidin-defizientem Medium ermöglicht. Das häufigst verwendete Reporter-Gen, dessen Protein-Protein-Interaktions-abhängige Expression durch einen einfachen kolorimetrischen Test
30 nachgewiesen werden kann, ist das beta-Galaktosidase-Gen.
35

Ursprünglich wurde das 2-Hybrid System in Hefe entwickelt, in der Folge wurden jedoch auch Varianten des 2-Hybrid Systems für die Anwendung in *E. coli* und in höheren eukaryotischen Zellen beschrieben (Luban and Goff 1995) (Karimova, Pidoux et al. 1998) (Fearon, Finkel et al. 1992) (Shioda, Andriole et al. 2000).

5 Ein wesentlicher Nachteil der klassischen 2-Hybrid-basierten Systeme liegt u.a. in der relativ hohen Rate an sowohl falsch-negativ wie auch falsch-positiv detektierten Interaktionspartnern. Dies liegt zum einem an der hohen Sensitivität der Reporter, aber auch an der räumlichen Kopplung der Interaktion und der basalen Transkriptionsmaschinerie. Kürzlich wurden Interaktionssysteme für Hefezellen
10 beschrieben, die den Ort der Interaktion räumlich von der Aktivierung der verwendeten Reportergene oder der zur Detektion verwendeten Selektionsmechanismen entkoppeln (Maroun and Aronheim 1999). Verwandte Systeme in Hefe erlauben auch die Analyse zumindest einen Interaktionspartners, der ein integrales oder membran-assoziiertes Protein sein kann (Hubsman, Yudkovsky et al. 2001) (Ehrhard, Jacoby et al. 2000).

15 Die funktionelle Komplementation von Proteinen oder Enzymen, die auch die Basis der klassischen 2-Hybrid-basierten Systeme darstellt, ist eine seit längerer Zeit bekannte und angewandte Methode zur Analyse von Interaktionen in lebenden Zellen und Bakterien (Ullmann, Perrin et al. 1965) (Fields and Song 1989) (Mohler and Blau 1996) (Rossi, Charlton et al. 1997) (Pelletier, Campbell-Valois et al. 1998). Unter Transkomplementation
20 versteht man die Trennung eines intakten und funktionalen Proteins oder Proteinkomplexes in zwei künstliche Untereinheiten auf Gen-Ebene. Die beiden Untereinheiten sind hierbei für sich gesehen inaktiv bezüglich der Funktion des Gesamtproteins, jedoch aktiv bezüglich ihrer entsprechenden Untereinheiten-Funktion und sie besitzen keine Fähigkeit zur Selbstrekonstitution. Die Fusion solcher Untereinheiten an Proteine oder
25 Proteindomänen, die miteinander interagieren, führt durch die Protein-Interaktions-abhängige Herstellung großer räumlicher Nähe zwischen den beiden getrennten Untereinheiten zur Komplementation des geteilten Proteins, wobei es wieder funktionell wird. Die Wiedererlangung der Funktion des Proteins (z.B. eines Enzyms) durch eine Protein-Interaktion wird dabei direkt oder indirekt als Nachweis für die Wechselwirkung
30 benutzt (Mohler and Blau 1996) (Rossi, Charlton et al. 1997). Das bekannteste Beispiel ist die Transkomplementation des Transkriptionsfaktors Gal4, welche die Grundlage des klassischen Hefe-2-Hybrid Systems darstellt (Fields and Song 1989).

Darüberhinaus wurden Transkomplementationen und daran gekoppelte Nachweismethoden für Protein-Interaktionen für unterschiedliche Proteine mit enzymatischer Aktivität
35 beschrieben, u.a. beta-Galaktosidase (bGal), Dihydrofolat-Reduktase (DHFR) und beta-Lactamase (bLac) beschrieben (Michnick and Remy 2001) (Rossi, Charlton et al. 1997)

(Michnick and Galarneau 2001). Der indirekte Nachweis von Protein-Interaktionen kann bei diesen Systemen nach Transkomplementation der oben genannten Enzyme durch Wachstumsselektion oder durch fluoreszenz- oder kolorimetrische Enzym-Nachweise erfolgen. Je nach verwendetem Substrat kann der Nachweis meist erst nach Aufschluß der Zellen und Zugabe des Substrates in vitro durchgeführt werden.

Im Gegensatz dazu kann beim DHFR-basierten System die Protein-Interaktion bzw. die Transkomplementation auch in vivo nachgewiesen werden. Dazu wird ein zellpermeabler fluoreszenzmarkierter Antagonist (Methotrexat) zugegeben, der nur an das intakte Protein bindet. Der Nachteil hierbei ist allerdings, daß der Antagonist kein Substrat des Enzyms ist, sondern als kompetitiver Inhibitor das Enzym bindet. Es kommt daher zu keinerlei enzymatischen Verstärkung des Detektionssignals. Dies führt dazu, daß die Sensitivität dieser Detektionsmethode gegenüber der Detektion positiver Klone durch positive Wachstumsselektion unter den entsprechenden Kulturbedingungen stark herabgesetzt ist. Zudem ist das Detektionssignal beim DHFR-basierten System zur Analyse von Protein-Interaktionen nur direkt nach der Zugabe des fluoreszenz-markierten Inhibitors sichtbar, d.h. dynamische Abläufe in Zellen, die häufig mit dynamischen bzw. transienten Protein-Interaktionen einhergehen, können mit diesen nicht permanenten, nur kurzzeitig detektierbaren Signalen nicht nachgewiesen werden. Darüberhinaus ist der beschriebene Inhibitor (Methotrexat) eine stark zytotoxische Substanz, die nach Applikation Zellwachstum, Metabolismus und andere intrazelluläre Prozesse stark beeinträchtigt und verändert und damit die normalen in vivo-Bedingungen verfälscht.

Eine DHFR-basierte Methode zur Analyse von Protein-Interaktionen, die auf der positiven Wachstumsselektion von Zellen mit transkomplementiertem DHFR - und nicht auf der Applikation von Methotrexat - basiert, bietet zwar eine entsprechend höhere Sensitivität, beansprucht jedoch Zeiträume von mehreren Tagen und Wochen, ein Umstand der diese Methode zur Anwendung in Hochdurchsatzverfahren, so z.B. im high-throughput-Screening, wenig geeignet erscheinen läßt. Aufgrund dieser Nachteile eignen sich diese Systeme auch nur sehr begrenzt zur Analyse transienter oder Stimulus-induzierter Interaktionen, da eine kurzzeitige Transkomplementation unzureichend ist, um eine Wachstumsselektion positiver Zellen über einen längeren Zeitraum zu ermöglichen. Andererseits kann die Bindung fluoreszierender Antagonisten, wie Methotrexat, durch das transkomplementierte DHFR nur dann nachgewiesen werden, wenn man den exakten Zeitpunkt der transienten oder der Stimulus-induzierten Interaktion trifft.

Diese Probleme bei der Detektion transienter, d.h. zeitlich begrenzter Protein-Interaktionen betreffen auch das klassische 2-Hybrid-System und seine nach dem Stand der Technik

bekannten Varianten, da auch hier Reporter-Systeme eingesetzt werden, die zu keinem permanenten Detektionssignal führen.

5 Transiente Protein-Interaktionen führen lediglich zum Zeitpunkt ihres Auftretens zur kurzzeitigen Expression der verwendeten Reporter-Gene, wobei die Genprodukte der bisher verwendeten Reporter-Gene lediglich im Zeitraum ihrer Lebensdauer ein Detektionssignal erzeugen können. Dies bedeutet, daß beim 2-Hybrid-System und seinen Varianten - und insbesondere bei der Analyse schwacher und transienter Protein-Interaktionen - lediglich ein relativ kurzer Zeitraum zur Detektion der Protein-Interaktionsabhängigen Signale zur Verfügung steht. Dies stellt insbesondere dann ein großes Problem dar, wenn eine große Anzahl unterschiedlicher potentieller Interaktionspartner eines Bait-Proteins simultan auf Interaktion getestet werden müssen, wie beispielsweise in Screening-Verfahren, insbesondere in high-throughput-Screening-Verfahren. In Screening-Verfahren muß eine Vielzahl von unterschiedlichen potentiellen Interaktionen, die eventuell auch zeitlich versetzt stattfinden können und eventuell unterschiedliche Interaktionsstärken und Lebensdauer besitzen, zu einem definierten Zeitpunkt simultan analysiert werden. Wenn bestimmte Detektionssignale jedoch lediglich in einem engen "Zeitfenster" detektierbar sind, die eventuell für verschiedene zu detektierende Interaktionen nicht einmal überlappen, so können gewisse Interaktionen, insbesondere schwache und transiente Protein-Interaktionen, vom 2-Hybrid-System, seinen Varianten und von den bekannten Transkomplementations-basierten Detektionssystemen zur Analyse von Protein-Interaktionen nicht erfaßt werden.

25 Ein weiteres Selektionssystem, das auf einer Protein-Transkomplementation besonderer Art beruht, ist das ursprünglich für Studien in Hefe entwickelte und kürzlich auch in Säugerzellen angewandte „Split Ubiquitin System“. Dieses benutzt die Trennung von Ubiquitin, in zwei nicht-funktionelle Anteile, ein N- und ein C-terminales Fragment (NUb und Cub) (Johnsson and Varshavsky 1994) (Rojo-Niersbach, Morley et al. 2000). Ubiquitin ist ein kleines Protein, welches normalerweise an seinen C-Terminus fusionierte Proteine für den zellulären Abbau markiert. Dieser biologische Mechanismus wird im „Split Ubiquitin System“ zur Detektion von Protein-Interaktionen eingesetzt. In einer Ausführungsform des „Split Ubiquitin Systems“ wird in der Zelle ein erstes Fusionsprotein umfassend das C-terminale Fragment Cub, ein daran gekoppeltes Selektionsmarker-Protein oder fluoreszierendes Protein und einen ersten Interaktionspartner und ein zweites Fusionsprotein umfassend das N-terminale Fragment Nub und den zweiten Interaktionspartner heterolog exprimiert. Bei einer spezifischen Interaktion der entsprechenden Fusionsproteine wird ein korrekt gefaltetes Ubiquitin wiederhergestellt,

welches vom Proteasom erkannt und prozessiert werden kann und wobei der gekoppelte zunächst aktive Reporter anschließend degradiert wird. Das System erlaubt demnach eine negative, auf Abwesenheit des Selektionsmarkers gerichtete Wachstumsselektion bzw. die Beobachtung des Verschwindens eines fluoreszierenden Reporters. Diese in wissenschaftlichen Publikationen dargestellten Ausführungen des „Split Ubiquitin Systems“ offenbaren somit zwei große Schwachpunkte, erstens erschwert die negative Selektion die schnelle und eindeutige Detektion relevanter Interaktionen und zweitens findet nach erfolgter Interaktion keine Signalverstärkung in der Zelle statt. Letzteres macht es nahezu unmöglich, schwache bzw. transiente Interaktionen zu detektieren.

In einer im Patent WO 95/29195 offenbarten Ausführungsform des "Split Ubiquitin Systems" werden zwei unterschiedliche Fusionsproteine in einer Zelle exprimiert, die jeweils einen Interaktionspartner und einen Teil des Ubiquitins umfassen. Eines der beiden Fusionsproteine umfaßt hierbei weiterhin ein Reporter-Protein, welches durch eine Ubiquitin-spezifische Protease proteolytisch abspaltbar ist. Dieses Reporter-Protein wird hierbei erst nach dem Auftreten einer spezifischen Protein-Protein-Interaktion durch eine Ubiquitin-spezifische Protease abgespalten und danach erst aktiviert. Diese Ausführungsform des "Split Ubiquitin Systems" überkommt jedoch nicht die Tatsache, daß pro stattgefundenener Interaktion nur einmalig ein Reportermolekül freigesetzt bzw. aktiviert werden kann. Letzteres macht es nahezu unmöglich, schwache bzw. transiente Interaktionen zu detektieren. Darüberhinaus ist der Reporter direkt an einen der Interaktionspartner gekoppelt, was zum einen bedeutet, daß die Reportermenge stark abhängig ist vom Expressionsniveau und der Stabilität des Interaktionspartners, an den er fusioniert wurde. Dies führt dazu, daß ein instabiles oder leicht degradierbares Protein bei der Analyse ein falsch positives Signal liefern kann.

Ein weiteres System, für Säugerzellen beschrieben, beruht auf der Aktivierung und Dimerisierung von modifizierten Typ I Cytokine-Rezeptoren (Eyckerman, Verhee et al. 2001). Die Aktivierung des STAT3-Signalweges kann in diesem System nur erfolgen, wenn eine Interaktion zwischen dem Bait-Rezeptorfusionsprotein und dem Prey-Fusionsprotein stattfindet. Das Prey-Protein ist an gp130 fusioniert, welches STAT-Bindungsstellen trägt. Die Rezeptor assoziierten Janus-Kinasen phosphorylieren gp130 nur nach Bait-Prey Interaktion, dies führt zu einer Bindung, Phosphorylierung und nachgeschalteter Kerntranslokation von STAT3-Transkriptionsfaktoren. STAT regulierte Reportergene werden abhängig von der Bait-Prey Interaktion exprimiert. Zur

Identifizierung neuer intrazellulärer Interaktionspartner wurde eine Selektionsstrategie etabliert, die Puromycin-Resistenz vermittelt (Eyckerman, Verhee et al. 2001). Die Methode erlaubt zwar die Detektion einer Protein-Protein Interaktion an der Membran durch die Expression eines Reportergens, sie verlangt allerdings die Kopplung mindestens eines Interaktionspartners an besagten Membranrezeptor. Zudem ist die komplexe Quartärstruktur des Rezeptor-Kinase-GP130 Multimers nicht dazu geeignet, schwierige Proteinklassen wie Membranproteine zu analysieren. Das System ist aufgrund mangelnder Amplifikation und Beständigkeit des Signals nicht in der Lage, transiente oder schwache Interaktionen zu analysieren.

Verfahren, die auf der Übertragung von Energiequanten eines Donor-Moleküls auf ein Akzeptor-Molekül beruhen, sofern diese in unmittelbare Nähe gebracht werden, sind theoretisch wenig eingeschränkt. Diese Verfahren können verschiedene Varianten des Green Fluorescent Protein (GFP) von *Aequorea victoria* verwenden, die aufgrund ihrer spezifischen Spektraleigenschaften zu Fluoreszenz-Resonanz-Energie-Transfer (FRET) fähig sind (Siegel, Chan et al. 2000). Ein ähnliches Verfahren beruht auf einer Energie-Kopplung der Biolumineszenz der Luziferase-Luziferin Reaktion als Energie-Donor und GFP als Energie-Akzeptor. Die Energieübertragung wird als Biolumineszenz-Resonanz-Energie-Transfer (BRET) Effekt bezeichnet (Xu, Piston et al. 1999). Hierbei ist allerdings die Zugabe von entsprechenden Luziferase-Substraten notwendig. Die wesentlichen Nachteile dieser Methoden liegen in der Sensitivität und der Schwierigkeit des Nachweises begründet. Zur Detektion von FRET-Effekten in vivo ist sowohl eine sehr starke Expression als auch eine aufwendige Analyse notwendig. Starke Überexpression von Proteinen in heterologen Zellen führen oft zur Aggregatbildung, falscher Faltung oder fehlgeleiteter subzellulärer Lokalisation. Die Methode bietet keine Möglichkeit einer Signalverstärkung bzw. -amplifikation, ein entscheidender Nachteil, der die Detektion schwacher Interaktionen oder Interaktionen schwach exprimierter Proteine ausschließt. Um eine Proteininteraktion von spektral kompatiblen GFP-Fusionsproteinen durch FRET-Effekte in der Zelle nachweisen zu können, müssen Hintergrundsubtraktionen und Ausbleichungsanalysen durchgeführt werden (Haj, Verveer et al. 2002). Die Methode eignet sich aufgrund des hohen technischen Aufwandes nicht für Hochdurchsatzverfahren zur Analyse von Protein-Interaktionen, darüberhinaus verlangt sie aufwendige Analysen und große Erfahrung, was einer breiten Anwendung entgegen steht.

Alle bisher beschriebenen indirekten Methoden haben den prinzipiellen Nachteil, die Umsetzung der Proteininteraktion an ein Nachweisverfahren zu koppeln, das eine andauernde Aktivierung benötigt oder die Analyse insbesondere transienter Interaktionen nur in einem sehr engem Zeitfenster zuläßt. Die Analyse von Protein-Interaktionen in postmitotischen Zellen oder die Identifizierung transienter Interaktionen sind daher nicht
5 oder nur sehr eingeschränkt möglich. Ein automatisierbarer Nachweis von Interaktionen die einer unbekannten Kinetik unterliegen ist somit nicht möglich.

Die bisher beschriebenen Methoden zur Analyse oder Detektion von Protein-Protein
10 Interaktionen weisen somit mindestens einen oder mehrere der folgenden Nachteile auf:

≥ Die Interaktionen finden nicht in vivo, oder zumindest nicht in Säugetier-Zellen, statt.

≥ Es werden große Mengen biologischen Materials benötigt.

15 ≥ Die Interaktionen müssen dauerhaft sein bzw. die Analyse muß genau zum richtigen Zeitpunkt erfolgen.

≥ Die Messung der Interaktion erfordert aufwendige Messungen bzw. Gerätschaften.

≥ Die Sensitivität des Nachweises ist sehr beschränkt.

≥ Die Analyse endogen sehr schwach exprimierter Gene ist eingeschränkt.

20 ≥ Es werden nur binäre Interaktionen detektiert.

≥ Die Rate falsch-positiver oder falsch-negativer Interaktionen ist hoch.

≥ Die Analyse zelltyp-spezifisch exprimierter Gene ist im komplexen Gewebeverband oder in Zelllinien bei biochemischen Methoden nahezu unmöglich.

≥ Die Nachweisverfahren sind nur schwer zu automatisieren.

25

Es war Aufgabe der vorliegenden Erfindung, ein Verfahren zur Detektion und Analyse von Protein-Interaktionen bereitzustellen, welches die obigen Nachteile des Standes der Technik überwindet. Insbesondere war es Aufgabe der vorliegenden Erfindung, ein Verfahren bereitzustellen, welches auch schwache und/oder transiente Protein-
30 Interaktionen durch die Protein-Interaktions-abhängige Erzeugung eines permanenten Detektionssignals, welches nicht mehr von der Analyse in einem engen Zeitfenster

abhängig ist, der Analyse zugänglich macht. Weiterhin war es Aufgabe der Erfindung, ein Verfahren bereitzustellen, bei dem ein Detektionssignal zum Nachweis spezifischer Protein-Interaktionen erzeugt wird, welches gegenüber der klassischen Aktivierung eines Reporter-Gens durch Transkriptionsaktivierung verstärkt, d.h. amplifiziert ist.

5

Die Aufgabe wird gelöst durch die Bereitstellung eines Verfahrens zur Detektion und Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle, wobei Protein-Interaktions-abhängig die Aktivität mindestens eines Enzyms aus der Gruppe der Rekombinasen und Proteasen in der Zelle bereitgestellt und in ein permanentes Detektionssignal der Zelle umgesetzt wird, welches gegenüber der klassischen Transkriptionsaktivierung von Reporter-Genen amplifiziert ist.

10

Das neue Verfahren überwindet wesentliche Nachteile des Standes der Technik, da es besonders dazu geeignet ist, Protein-Interaktionen zu analysieren,

15

- die transienter Natur sind
- die sehr schwach sind
- die von spezifischen Stimuli abhängig sind und nur in vivo stattfinden
- die von den intrinsischen Eigenschaften bestimmter eukaryontischer Zellen abhängig sind
- 20 -die von einem bestimmten Zellzustand abhängig sind
- die von spezifischen Modifikationen abhängig sind
- die von einer komplexen Topologie und Umgebung abhängig sind
- die an die Funktion von Proteinkomplexen gekoppelt sind.

25

Beim erfindungsgemäßen Verfahren kann eine Protein-Interaktion in allen lebenden Zellen oder Zellverbänden nachgewiesen werden und kann vollständig in vivo erfolgen. Ein biochemischer Eingriff ist hierbei nicht zwingend notwendig. Die Verstärkung des Detektionssignals erfolgt weiterhin nicht graduell in Abhängigkeit der Interaktionsstärke, sondern ist durch Anschalten eines permanent stark exprimierten Reportergens maximal.

30

Der Zeitpunkt der Analyse kann zeitlich entkoppelt von der möglicherweise Stimulus-abhängigen und/oder transienten Interaktion stattfinden. Die synchronisierte Analyse einer Vielzahl potentieller Interaktionspartner, wie z.B. im Screening-Verfahren, wird damit möglich. Weiterhin ist es möglich in einem Experiment zeitlich hintereinander geschaltete

Stimuli unterschiedlicher Signaltransduktionswege und deren möglichen Einfluß auf regulierte Protein-Interaktionen auch unbekannter Partner zu untersuchen oder den Einfluß niedermolekularer Wirkstoffe auf Protein-Interaktionen zu analysieren. Der Nachweis der Reporter ist experimentell einfach durchzuführen und kompatibel mit Hochdurchsatz-Verfahren, wie z.B. high throughput Screening-Verfahren. Ein Protein-Interaktions-abhängiges kurzzeitiges Aktivieren des Reportersystems reicht bei dem erfindungsgemäßen Verfahren aus, um ein permanentes, stabiles und in vivo langfristig detektierbares Signal zu generieren. Darüberhinaus erfährt das Signal durch die Reportersysteme eine enorme Verstärkung. Die Verstärkung unterliegt einem „Alles oder Nichts-Prinzip“, wobei ungeachtet der ursprünglichen Stärke der Interaktion das Detektionssignal maximal aktiviert wird.

Weiterhin bietet die beim erfindungsgemäßen Verfahren räumliche Trennung der Protein-Interaktion vom Ort der Signal-Generierung gegenüber einigen Verfahren nach dem Stand der Technik den Vorteil, daß der Hintergrund falsch positiver Signale reduziert sein sollte. Diese Eigenschaften stellen eine deutliche Verbesserung gegenüber den bestehenden Systemen dar. Die Modularität und enorme Flexibilität des System erlaubt es, die Analysen und Experimente sehr fein auf die jeweilige Fragestellung bzw. auf die Stärke der gesuchten Interaktion einzustellen.

20

Das der Methode zugrunde liegende Prinzip beruht auf der Verwendung von einem Nachweismechanismus, der die spezifischen Protein-Interaktionen in ein permanentes Signal umsetzt. Die Aktivierung des Signals erfolgt durch einen oder mehrere miteinander gekoppelte molekulare Schalter-Systeme, an denen Proteasen und/oder DNA-Doppelstrang-spezifische Rekombinasen beteiligt sind. Das System kann so ausgestaltet sein, daß die Dynamik von Protein-Interaktionen, ihr Zustandekommen sowie ihre Dissoziation, analysiert werden kann.

25

Im erfindungsgemäßen Verfahren wird Protein-Interaktions-abhängig die Aktivität mindestens eines Enzyms aus der Gruppe der Rekombinasen und Proteasen in der Zelle bereitgestellt und in ein permanentes Detektionssignal der Zelle umgesetzt. Durch die Aktivität mindestens eines Enzyms aus der Gruppe der Rekombinasen und Proteasen wird in der Zelle ein schalterartiger Mechanismus in Gang gesetzt, der letztlich zur Ausbildung eines permanenten und eines gegenüber der Aktivierung eines Reporter-Gens durch

30

klassische Transkriptionsaktivierung stark amplifizierten Detektionssignal der Zelle führt. Einige bevorzugte Ausführungsformen des erfindungsgemäßen Verfahrens basieren lediglich auf der Generierung eines permanenten Signals durch die Protein-Interaktions-abhängige Bereitstellung der Aktivität einer Rekombinase.

5

Diese Ausführungsformen beruhen auf der Protein-Interaktions-abhängigen Bereitstellung einer DNA-Erkennungssequenz-spezifischen Rekombinase und einem an deren Funktion gekoppelten Reportersystem.

10

DNA-Doppelstrang-spezifische Rekombinasen der Integrase-Familie können den Austausch oder die Integration von verschiedenen nicht-homologen DNA-Molekülen vermitteln (Lewandoski 2001). Die Integrase-Protein-Familie umfasst mehr als 100 bekannte Mitglieder verschiedener Spezies (zusammengefasst in (Nunes-Duby, Kwon et al. 1998) und in (Esposito and Scocca 1997). Als molekularer Schalter in transgenen

15

Tieren oder in Zellkultur wird im wesentlichen die Cre-Rekombinase des P1-Bakteriophagen und die Hefe-Rekombinase FLP verwendet (Sauer 1998) (Buchholz, Angrand et al. 1998). Durch die Aktivität einer zelltyp-spezifischen oder einer während der Entwicklung reguliert exprimierten Rekombinase kann ein nachgeschaltetes Reportergen in vivo aktiviert werden. Damit können verschiedene molekulare Marker dauerhaft

20

aktiviert werden und zu einer Vielzahl von Analysen im Tier genutzt werden (Lewandoski 2001). Die Cre-Rekombinase wurde auch in Säugerzellen als Reportergen zur Analyse von Signaltransduktionsmechanismen verwendet (Mattheakis, Olivan et al. 1999). Weiterhin sind Cre-Rekombinase-basierte Genregulationssysteme beschrieben worden, mit denen Zielgene induzierbar angeschaltet oder inaktiviert werden können und auf Liganden-

25

kontrolliertem Kernimport von Fusionsproteinen der Cre-Rekombinase mit Liganden-bindenden-Domänen verschiedener Kernrezeptoren beruhen (Kellendonk, Tronche et al. 1996) (Feil, Brocard et al. 1996) (Metzger, Clifford et al. 1995). DNA-Doppelstrang-spezifische Rekombinasen, die Protein-Interaktionsabhängig ein Reportergen dauerhaft aktivieren können, stellen ein ideales molekulares Schalter-System dar, um transiente

30

Interaktionen in dauerhafte Signale umzusetzen. Rekombinasen, sowie die großen Vorteile, die sie durch die Erzeugung von permanenten und gegenüber der klassischen Transkriptionsaktivierung stark amplifizierten Detektionssignalen für die Analyse von Protein-Interaktionen bieten, sind im Zusammenhang mit der Analyse von Protein Interaktionen bisher nicht beschrieben worden.

Im erfindungsgemäßen Verfahren kann die Aktivität einer Rekombinase sowohl durch Transkomplementation, durch Protein-Interaktions-abhängigen Transport vom Zytoplasma in den Kern oder Transkriptionsfaktor-abhängig als Reporter gen exprimiert werden. Die Induktion der Transkription der Rekombinase kann durch Protein-Interaktions-abhängig
5 durch Transkomplementation, z.B. durch die funktionelle Rekonstituierung eines Transkriptionsfaktors oder durch Protein-Interaktions-abhängigen Transport eines funktionellen Transkriptionsaktivators vom Zytoplasma in den Kern erfolgen.

Für die Regulation der Aktivität der Cre-Rekombinase als transkriptionelles Reporter gen
10 oder durch kontrollierten Kernimport sowohl für in vitro- als auch für in vivo-Anwendungen zur Aktivierung nachgeschalteter Gene gibt es eine Vielzahl von Studien (Lewandoski 2001). In keiner dieser Studien wird jedoch die Cre-Rekombinase als transkriptionelles Reporter gen oder durch kontrollierten Kernimport zur Analyse neuer oder bekannter Protein-Interaktionen genutzt. Ebenso sind keine Untersuchungen über die
15 Transkomplementation einer Rekombinase oder Rekombinaseaktivität im Zusammenhang mit der Analyse von Protein-Interaktionen beschrieben. Die Cre-Rekombinase bindet als Protein-Dimer an jeweils eine doppelsträngige DNA-Erkennungssequenz, die sogenannte loxP-Erkennungssequenz. Der aktive rekombinations-vermittelnde Komplex wird durch ein Homo-Tetramer und zwei loxP-Erkennungssequenzen ausgebildet. Intermolekulare
20 Transkomplementationen mutanter Cre-Proteine, gekennzeichnet durch den Verlust unterschiedlicher Funktionen, wurden beschrieben (Shaikh and Sadowski 2000). Diese Untersuchungen lassen den Schluß zu, daß eine inter-molekulare Transkomplementation verschiedener Cre-Mutanten als Strategie zur Analyse von Protein-Interaktionen möglich ist. Ebenso erscheint eine intramolekulare Transkomplementationsstrategie aufgrund von
25 funktionalen Analysen von chimären Proteinen der FLP- und Cre-Rekombinasen und insbesondere aufgrund der bekannten Kristallstruktur des Proteins möglich (Guo, Gopaul et al. 1997). Das Cre-Protein faltet sich in zwei distinkte globuläre Domänen (AS 20 – 129 und AS 132-341), die durch einen kurzen Abschnitt verbunden sind.

30 Anwendungsabhängig können durch die Rekombinase aktivierte, nachgeschaltete Reporter-Systeme folgende sein:

-direkt in vivo und in vitro nachweisbare und quantifizierbare Proteine (Epi- bzw. auto-fluoreszente Proteine wie z.B. das green fluorescent protein GFP und seine Derivate oder Aequorin).

-indirekt in vivo und in vitro nachweisbare und quantifizierbare Enzyme (Luziferase, beta-Galaktosidase, alkalische Phosphatase, beta-Lactamase, etc.).

-Exponierte Oberflächenproteine, die biochemisch nachweisbar sind bzw. zur Affinitätsisolation von Zellen geeignet sind.

5 -Resistenz gegen zytotoxische Substanzen oder Minimalmedien vermittelnde Proteine oder Enzyme (Neomycin/G418, Puromycin, Blastizidin S, Zeocin, Ampicillin, Kanamycin, Gentamycin, Tetrazyklin, Xanthine-Guanine Phosphoribosyl Transferase (XGPT) etc.).

- zytotoxische oder pro-apoptotische Proteine (Diphtherie Toxin, aktivierte Caspasen etc.)

-Proteine, die das Wachstum oder die Morphologie der Zelle ändern, in der sie exprimiert werden.

10 In einer bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens, in der Protein-Interaktionsabhängig die Aktivität einer Rekombinase bereitgestellt und in ein permanentes Detektionssignal der Zelle umgesetzt wird, wird die Zelle mit mindestens
15 einem Expressionsvektor umfassend mindestens eine der folgenden Komponenten

- 20
- i) ein Rekombinase-Gen, welches unter der Kontrolle eines Transkriptionsfaktors steht
 - ii) ein Konstrukt, das eine von Rekombinationsstellen für eine Rekombinase flankierte Stop-Kassette mit der nachgeschalteten Nukleotidsequenz kodierend für ein Reporter-Gen unter der Kontrolle eines konstitutiven Promoters umfaßt,

25 entweder stabil oder transient transfiziert.

30 Wird in einer solchen Zelle Protein-Interaktions-abhängig die Expression der Rekombinase induziert, so kann durch diese Rekombinase die von den Rekombinase-Erkennungsstellen flankierte Stop-Kassette aus der Nukleotidsequenz des Reporter-Gens herausgeschnitten werden. Dadurch kommt es zur Aktivierung des nachgeschalteten Reporter-Gens und damit zur permanenten Expression und zur ständigen Akkumulation des funktionalen Reporter-Proteins in der Zelle.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens wird hingegen die Zelle mit einem Expressionsvektor, der nur die obige Komponente ii) umfaßt,

transfiziert, während die Protein-Interaktions-abhängige Aktivität einer Rekombinase durch die Protein-Interaktions-abhängige Transkomplementation einer funktionalen Rekombinase im Zellkern bereitgestellt wird.

- 5 Zur Durchführung dieser Protein-Interaktions-abhängigen Transkomplementation einer funktionalen Rekombinase im Zellkern werden zusätzlich
- ≥ ein erstes Fusionsprotein umfassend mindestens einen ersten Interaktionspartner und einen Teil der Rekombinase, und
 - ≥ ein zweites Fusionsprotein umfassend mindestens einen zweiten Interaktionspartner
- 10 und einen weiteren Teil der Rekombinase heterolog in der Zelle exprimiert.

Bei Auftreten einer spezifischen Protein-Interaktion zwischen zwei Interaktionspartnern kommt es demnach zur Rekonstitution einer funktionalen Rekombinase im Zellkern, 15 welche dann wiederum die mit plox-Stellen oder anderen Rekombinase-spezifischen Erkennungsstellen flankierte Stop-Kassette aus dem Reporter-Konstrukt ii) entfernen kann, wobei das Reporter-Gen aktiviert wird.

Unter einer Stop-Kassette ist in diesem Zusammenhang eine DNA-Insertion zu verstehen, 20 die in das Reporter-Gen auf die Art und Weise inseriert ist, daß ihre Gegenwart zu einer Inaktivierung des Reporter-Gens führt. Nach Entfernung der von den Rekombinationsstellen flankierten Stop-Kassette durch die Protein-Interaktions-abhängig bereitgestellte Rekombinase-Aktivität steht einer dauerhaften Aktivierung des Reporter-Gens und damit einer ständigen Akkumulation an beispielsweise fluoreszierendem Reporterprotein oder an beispielsweise enzymatischem Reporter-Protein nichts mehr entgegen. Die Akkumulation an Reporter-Protein führt weiterhin zu einer erheblichen Verstärkung des Detektionssignals im Vergleich zur Reporter-Gen-Aktivierung durch 30 klassische Transkriptionsaktivierung. Das Ausmaß der Amplifikation des Signals wird hierbei lediglich von der Expressionshöhe des Reportergens oder auch vom Umsatz der enzymatischen Aktivität des Reporter-Gens begrenzt, nicht aber von der Dauer oder der Stärke der zu detektierenden Protein-Interaktion.

Neben dem molekularen Schalter-System beruhend auf der Protein-Interaktions-abhängigen Rekombinaseaktivität betrifft die Erfindung auch ein weiteres Schaltersystem 35 auf molekularer Ebene, welches auf der Protein-Interaktions-abhängig bereitgestellten Aktivität einer Protease bzw. auf der Kopplung einer Protease-Aktivität mit einem durch proteolytische Prozessierung aktivierten Reporter basiert. Die kurzzeitige Aktivität einer

Protease kann ähnlich wie die Aktivität einer Rekombinase zur Generierung eines dauerhaften Detektionssignals in der Zelle führen.

Die Erfindung betrifft daher auch Ausführungsformen des erfindungsgemäßen Verfahrens, die beide molekularen Schalter-Systeme nutzen, eines basierend auf einer Rekombinase- und eines basierend auf einer Protease-Aktivität, sowie Ausführungsformen, die nur auf der Aktivität eines der molekularen Schalter-Systeme beruhen, entweder der Protease-Aktivität oder der Rekombinase-Aktivität.

In einer bevorzugten Ausführungsform, die auf der Bereitstellung der Aktivität einer Protease und einer Rekombinase beruht, wird die Protease-Aktivität durch die Transkomplementation einer funktionalen Protease bereitgestellt. Diese Transkomplementation der funktionalen Protease erfolgt hierbei durch die folgenden Schritte:

e) Expression eines

ea) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und einen Teil einer Protease, und

eb) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen weiteren Teil der Protease,

wobei gegebenenfalls mindestens eines der beiden Fusionsproteine eine weitere Domäne besitzt, die zur Verankerung des Fusionsproteins außerhalb des Zellkerns führt, und

ec) Expression einer funktionalen Rekombinase, welche gegebenenfalls eine weitere Domäne des ersten oder zweiten Fusionsproteins darstellt und von den übrigen Domänen durch eine Erkennungs- und Schnittstelle für die Protease proteolytisch abspaltbar ist, oder

Expression einer funktionalen Rekombinase auf einem dritten Fusionsprotein, welches neben der funktionalen Rekombinase selbst, die durch eine Erkennungs- und Schnittstelle für die Protease proteolytisch abspaltbar ist, eine weitere Domäne umfaßt, die zur Verankerung des dritten Fusionsproteins außerhalb des Zellkerns führt;

in einer Zelle;

- f) Rekonstituierung einer funktionalen Protease durch die Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners miteinander;
- g) proteolytisches Abspalten der funktionalen Rekombinase von seiner Verankerung außerhalb des Zellkerns durch die rekonstituierte Protease aus f)
- h) Transport der funktionalen Rekombinase in den Zellkern und Aktivierung eines Rekombinase-abhängigen Reporter-Gens.

Die Komponente ec) besitzt hierbei vorzugsweise eine Domäne zu ihrer Verankerung außerhalb des Zellkerns, welche zu einer Verankerung an der Zellmembran führt.

Darüberhinaus kann die zytoplasmatische Struktur außerhalb des Zellkerns, an der mindestens eines der beiden Fusionsproteine über eine dazu geeignete Domäne verankert ist, jedoch auch jedes andere von einer Membran umschlossene Zellorganell, mit Ausnahme des Zellkerns sein. Auch bestimmte Protein-Targeting-Domänen, die ein Targeting des Trägerproteins in das Lumen eines bestimmten Zellorganells bewirken, können zur Fixierung mindestens eines der beiden Fusionsproteine außerhalb des Zellkerns dienen.

welche durch eine Protein-Interaktions-abhängige Protease-Aktivität proteolytisch abgespalten werden kann,

In einer weiteren ebenfalls bevorzugten Ausführungsform wird Protein-Interaktions-abhängig die Aktivität einer Protease durch das Generieren einer räumlichen Proximität zwischen einer funktionalen Protease und ihrem Substrat durch die folgenden Schritte bereitgestellt:

j) Expression eines

ja) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und eine funktionale Protease, und

jb) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner, eine funktionale Rekombinase-Domäne und eine weitere Domäne, die zur Verankerung außerhalb des Zellkerns führt, wobei zumindest die funktionale Rekombinase-Domäne von der Domäne, welche zur Verankerung des zweiten Fusionsproteins

außerhalb des Zellkerns führt, durch eine Erkennungs- und Schnittstelle der verwendeten Protease proteolytisch abspaltbar ist, in der Zelle,

- 5 k) Bewirken einer aus der Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners resultierenden räumlichen Proximität zwischen der funktionalen Protease des ersten Fusionsproteins und der Protease-Erkennungs- und Schnittstelle auf dem zweiten Fusionsprotein,
- 10 l) proteolytisches Abspalten der außerhalb des Zellkerns verankerten funktionalen Rekombinase durch Spalten der Protease-Schnittstelle mit der proximalen Protease, Transport der freien funktionalen Rekombinase in den Zellkern und Aktivierung eines Reporter-Systems.

15 Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren, bei dem das permanente Detektionssignal durch die Protein-Interaktions-abhängige Bereitstellung eines spezifischen funktionalen Transkriptionsfaktors im Zellkern dieser Zelle induziert wird.

20 Diese Protein-Interaktions-abhängige Bereitstellung eines spezifischen funktionalen Transkriptionsfaktors im Zellkern der Zelle kann hierbei durch die Protein-Interaktions-abhängige Transkomplementation eines funktionalen Transkriptionsfaktors im Zellkern bewerkstelligt werden, welche durch die folgenden Einzelschritte durchgeführt werden kann:

- 25 m) Expression eines ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und einen Teil des Transkriptionsfaktors, und eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen weiteren Teil des Transkriptionsfaktors;
- 30 n) Rekonstituierung eines funktionellen Transkriptionsfaktors durch die Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners miteinander;
- o) Induktion der Expression einer funktionalen Rekombinase zur Aktivierung eines Rekombinase-abhängigen Reporter-Systems im Zellkern.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform kann der spezifische funktionale Transkriptionsfaktor, der das permanente Detektionssignal in der Zelle induziert, durch Protein-Interaktions-vermittelte räumliche Proximität zwischen einer Protease und ihrem Substrat bereitgestellt werden.

5

Diese räumliche Proximität zwischen einer Protease und ihrem Substrat im Zellkern wird hierbei vorzugsweise durch die folgenden Schritte durchgeführt:

j) Expression eines

10

ja) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und eine funktionale Protease, und

jb) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner, eine funktionale Transkriptionsfaktor-Domäne und eine weitere Domäne, die zu einer Verankerung außerhalb des Zellkerns führt, wobei zumindest die funktionale Transkriptionsfaktor-Domäne von der Domäne, welche zur Verankerung des zweiten Fusionsproteins außerhalb des Zellkerns führt, durch eine Erkennungs- und Schnittstelle der verwendeten Protease proteolytisch abspaltbar ist,

15

20

in der Zelle,

k) Bewirken einer aus der Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners resultierenden räumlichen Proximität zwischen der funktionalen Protease des ersten Fusionsproteins und der Protease-Erkennungs- und Schnittstelle auf dem zweiten Fusionsprotein,

l) proteolytisches Abspalten des außerhalb des Zellkerns verankerten funktionalen Transkriptionsfaktors durch Spalten der Protease-Schnittstelle mit der proximalen Protease, Transport des freien funktionalen Transkriptionsfaktors in den Zellkern und Aktivierung eines Reporter-Systems.

30

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens wird der spezifische funktionale Transkriptionsfaktor im Zellkern der Zelle durch die Protein-Interaktions-abhängige Transkomplementation einer Protease bereitgestellt, was im wesentlichen durch die folgenden Schritte erreicht wird:

35

p) Expression eines

- pa) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und einen Teil einer Protease, und
- pb) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen weiteren Teil der Protease,

wobei gegebenenfalls mindestens eines der beiden Fusionsproteine eine weitere Domäne besitzt, die zur Verankerung des Fusionsproteins außerhalb des Zellkerns führt, und

- pc) Expression eines funktionalen Transkriptionsfaktors, welcher gegebenenfalls eine weitere Domäne des ersten oder zweiten Fusionsproteins darstellt und von den übrigen Domänen des Fusionsproteins durch eine Erkennungs- und Schnittstelle für eine Protease proteolytisch abspaltbar ist, oder
Expression eines funktionalen Transkriptionsfaktors auf einem dritten Fusionsprotein, welches neben dem funktionalen Transkriptionsfaktor selbst, der durch eine Erkennungs- und Schnittstelle für eine Protease proteolytisch abspaltbar ist, eine weitere Domäne umfaßt, die zur Verankerung des dritten Fusionsproteins außerhalb des Zellkerns führt;

in einer Zelle;

- q) Rekonstituierung einer funktionalen Protease durch die Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners miteinander;
- r) proteolytisches Abspalten des funktionalen Transkriptionsfaktors von seiner Verankerung außerhalb des Zellkerns durch die rekonstituierte Protease aus q)
- s) Bereitstellung eines funktionalen Transkriptionsfaktors im Zellkern und anschließende Induktion der Expression eines Rekombinase-abhängigen oder eines Rekombinase-unabhängigen, klassischen Reporter-Systems.

In einer weiteren bevorzugten Abwandlung des Verfahrens führt der in Schritt r) proteolytisch abgespaltene funktionale Transkriptionsfaktor in Schritt s) im Zellkern

- zur Induktion der Expression eines Rekombinase-unabhängigen, klassischen Reporter-Systems
- und zusätzlich zur Induktion der Expression des Gens einer funktionalen Protease zur weiteren dauerhaften Aktivierung des eingesetzten Reporter-Systems.

Die zusätzliche Transkriptionsaktivierung des Gens einer funktionalen Protease durch die Aktivität des funktionalen Transkriptionsfaktors sorgt hierbei zu einer dauerhaften Aktivierung des Reportersystems ohne Verwendung einer Rekombinase-Aktivität.

5

Eine weitere abgewandelte Ausführungsform betrifft ein Verfahren zur Detektion und Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle, umfassend die folgenden Schritte:

- 10 u) Expression eines
 - ua) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und einen Teil einer Protease, und
 - ub) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen weiteren Teil der Protease, und
 - uc) eines durch Proteolyse aktivierbaren oder inaktivierbaren Reporters,
- 15 in der Zelle;
- v) Rekonstituierung einer funktionalen Protease durch die Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners miteinander;
- w) Aktivierung des durch Proteolyse aktivierbaren oder Inaktivierung des durch Proteolyse inaktivierbaren Reporters durch die rekonstituierte
- 20 funktionale Protease aus Schritt v).

Bei dieser Ausführungsform wird vorzugsweise in Schritt u) als Komponente uc) ein durch Proteolyse aktivierbares Reporterprotein exprimiert, dessen Reporteraktivität durch die Insertion einer zusätzlichen Aminosäuresequenz und/oder durch die Insertion von mindestens einer Erkennungs- und Schnittstelle für eine Protease inaktiviert ist und durch die Aktivität einer Protease proteolytisch aktivierbar ist.

Alternativ dazu kann jedoch auch in Schritt u) als Komponente uc) ein durch Proteolyse inaktivierbares Reporterprotein exprimiert werden, das mindestens eine Erkennungs- und

30 Schnittstellen für eine Protease enthält und dessen Reporteraktivität proteolytisch inaktivierbar ist.

Bei dieser Ausführungsform kann die Bereitstellung einer Protease-Aktivität durch Transkomplementation einer funktionalen Protease alternativ auch durch die Protein-

35 Interaktions-vermittelte räumliche Proximität zwischen der Protease und ihrem Substrat bereitgestellt werden. Hierbei werden die einzelnen Verfahrensschritte dieser Ausführungsform wie folgt abgewandelt.

- x) Expression eines
- xa) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und eine funktionale Protease, und
 - xb) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen durch Proteolyse aktivierbaren oder inaktivierbaren Reporter,

in der Zelle;

- y) Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners miteinander;
- z) Aktivierung des durch Proteolyse aktivierbaren Reporters oder Inaktivierung des durch Proteolyse inaktivierbaren Reporters durch die Protein-Interaktionsabhängige räumliche Proximität der funktionalen Protease des ersten Fusionsproteins xa) und des durch Proteolyse aktivierbaren oder inaktivierbaren Reporter des zweiten Fusionsproteins xb).

Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur Detektion und Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle, umfassend die folgenden Schritte:

- J) Expression eines
- Ja) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und einen Teil einer Protease, und
 - Jb) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen weiteren Teil der Protease, und
 - Jc) konstitutive Expression eines über eine geeignete Domäne außerhalb des Zellkerns verankerten Reporter-Proteins, welches von dieser Verankerung proteolytisch abspaltbar ist, und zusätzlich eine weitere Domäne umfaßt, welche nach der proteolytischen Abspaltung die Lokalisation des Reporter-Proteins in ein bestimmtes Kompartiment der Zelle bewirkt;

in der Zelle;

- K) Rekonstituierung einer funktionalen Protease durch die Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners miteinander;
- L) Proteolytische Abspaltung des Reporter-Proteins mitsamt seiner Domäne, die die Lokalisation des freien Reporter-Proteins in ein bestimmtes Kompartiment der Zelle bewirkt, durch die funktionale Protease aus Schritt K);
- M) Detektion der veränderten Lokalisation des Reporter-Proteins.

Zur Isolierung neuer Proteasen oder Protease-regulierender Proteine oder Moleküle wurden für die Anwendung in Hefe bereits Nachweis-Systeme entwickelt, die auf der proteolytischen Abspaltung von membran-gebundenen Transkriptionsfaktoren beruhen (Kamada, Kusano et al. 1998) (Hirowatari, Hijikata et al. 1995) (Broad 1999). Die Verwendung von exogenen Proteasen ist im Zusammenhang mit der Analyse von Protein-Interaktionen bisher nicht beschrieben.

Eine solche proteolytische Aktivität kann wie oben im Detail beschrieben durch Transkomplementation oder durch das Protein-Interaktions-abhängige räumliche Zusammenführen (Proximität) von Enzym und seinem Substrat erfolgen. Anwendungsabhängig können die durch die proteolytische Spaltung aktivierten Proteine oder Enzyme folgende sein:

- Eine ausserhalb des Zellkerns gebundene Rekombinase, die erst nach proteolytischer Abspaltung in den Kern gelangt und dort aktiv werden kann.
- Ein ausserhalb des Zellkerns fixierter Transkriptionsfaktor, der erst nach proteolytischer Abspaltung in den Kern gelangt und dort aktiv werden kann.
- Ein ausserhalb des Zellkerns fixierte GFP-Variante, die erst nach proteolytischer Abspaltung in den Kern gelangt. Der Nachweis erfolgt durch die veränderte Morphologie des Fluoreszenz Signals.
- Ein durch proteolytische Spaltung aktivierbares oder inaktivierbares Enzym oder Protein- oder Molekül oder Protein- oder Molekülpaar. Dies können Rekombinasen, Proteasen, GFP-Varianten, Enzyme oder zelluläre Signalproteine sein.
- Eine modifizierte Protease, die ebenfalls erst nach proteolytischer Spaltung aktiv werden kann. Letzteres führt zu einer dauerhaften und maximalen Signalaktivierung durch eine Kaskade aufeinanderfolgender proteolytischer Spaltungen.

Proteolytische Enzyme, welche besonders geeignet für eine intrazelluläre Verwendung sind, sind die Potyvirus NIa Proteasen, wie insbesondere die 27 kDa NIa Protease des Tobacco Etch Virus (im folgenden als „TEV-Protease“ bezeichnet). Die TEV-Protease wird in eukaryontischen Zellen sehr gut toleriert und zeigt im Zytosol spezifische Aktivität

(Faber, Kram et al. 2001) (Uhlmann, Wernic et al. 2000). Die TEV-Protease gehört zur C4-Familie der Cystein Proteasen, die Primärstruktur zeichnet sich durch die charakteristische Verteilung der Aminosäuren der katalytischen Triade, Histidin (Position 46), Aspartat (Position 81) und Cystein (Position 151), aus (Ryan and Flint 1997). Über die dreidimensionale Struktur ist hingegen wenig bekannt, eine Sekundärstrukturvorhersage und der Vergleich mit anderen Proteasen, deren 3D-Struktur bereits aufgelöst wurde, implizieren jedoch eine große Homologie zu den Trypsin-ähnlichen Serin-Proteasen (Bazan and Fletterick 1988) (Bazan and Fletterick 1989). Deren charakteristisches Strukturmerkmal ist der hohe Anteil von β -Faltblattdomänen in der Sekundärstruktur, die sich zu einer typischen bilobalen Gesamtstruktur falten. Dabei verteilen sich die katalytischen Aminosäuren Histidin und Arginin auf den N-terminalen Lobus und das Serin (bzw. Cystein) liegt auf dem C-terminalen Lobus. Diese Verteilung der drei katalytischen Aminosäuren auf die beiden „Hemisphären“ der Protease dient als Grundlage für die Transkomplementations-Strategie. Hierbei sind mehrere Varianten denkbar, bei denen das Protein in zwei Fragmente geteilt wird, auf denen sich dann jeweils eine oder zwei der Aminosäuren der Triade finden. Entscheidend für die funktionelle Transkomplementation ist die unabhängige Faltung der Fragmente. Um diese zu gewährleisten, ist es u.U. notwendig, überlappende Fragmente zu generieren und diese auf Aktivität zu testen. Ziel der Transkomplementation ist es, die Fragmente so zu wählen, dass sie für sich gesehen keine Aktivität besitzen und diese Aktivität nur dann wiedererlangen, wenn sie an interagierende Proteine, interagierende Proteindomänen oder andere interagierende Moleküle fusioniert werden.

Aufgrund ihrer großen strukturellen Homologie (Auflistung in (Barrett-AJ, Rawlings-ND et al. 1998)) eignen sich für das Verfahren prinzipiell alle Proteasen. Voraussetzung ist allerdings, daß ihre Anwesenheit in den entsprechenden Zellen oder Zellkompartimenten toleriert wird. Im Rahmen der Erfindung wurde die normalerweise in die Blutbahn sekretierte Protease Renin ebenfalls in PC-12 Zellen exprimiert. Mit einem Reportergenkonstrukt, welches mit der spezifischen Erkennungsstelle aus dem Reninsubstrat Angiotensinogen ausgestattet war, konnte die intrazelluläre Aktivität nachgewiesen werden. Renin eignet sich theoretisch sehr gut für eine Transkomplementationsstrategie, da diese Protease große Homologie zur HIV-Protease 1 aufweist, von der wiederum bekannt ist, daß das funktionelle Molekül aus zwei identischen Untereinheiten aufgebaut ist.

Darüberhinaus ist es auch möglich, die Transkomplementation einer Protease an der Zelloberfläche oder extrazellulär durchzuführen. Zu diesem Zweck müssten die Fragmente und u.U. Reporter in einer solchen Weise an Membranproteine, Proteine der

Extrazellulärmatrix oder sezernierte Proteine fusioniert werden, daß sie ins Außenmedium der Zelle ragen oder sezerniert werden. Die Aktivität kann in einer solchen Version des Verfahrens durch Zugabe eines Substrates oder Ko-Expression eines entsprechend modifizierten Reporters detektiert werden. Der Umsatz eines spezifischen Substrates (z.B. durch fluoreszenz-gekoppelte Substrat-Peptide oder Enzyme deren Aktivität durch spezifische Proteolyse zerstört wird) erlaubt letztendlich die Transkomplementation völlig zellfrei zu analysieren, indem man rekombinant bzw. in vitro produzierte Fusionsproteine im Reaktionsgefäß untersucht.

Intrazellulär kommt es, direkt oder indirekt, sowohl durch die Protein-Interaktions-abhängige Aktivität einer Rekombinase und/oder Aktivität einer Protease in den oben beschriebenen erfindungsgemäßen Ausführungsformen zu einer dauerhaften Aktivierung entsprechender Reportergene oder Reporterproteine in der Zelle. Eine Kombination aus beiden Systemen (dem Rekombinase-basierten und dem Protease-basierten Schalter-System) erlaubt eine hohe Sensitivität und bietet viele Möglichkeiten zur Feinregulation der Detektionsgrenze, bzw. des Signal-Hintergrund-Verhältnisses.

Die molekularen Schalter-Systeme basieren entweder auf einer Rekombinase- oder einer Protease-Aktivität bzw. eine Kombination beider Systeme kann auch molekulare Rückkoppelungsmechanismen involvieren, die letztlich zu einer quasi-endlosen Aktivierung des Reporters führen.

Eine bevorzugte Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens, die einen solchen molekularen Rückkoppelungsmechanismus zur quasi-endlosen Signalverstärkung umfaßt, beinhaltet die folgenden Einzelschritte:

- A) Expression eines
I ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und einen Teil einer Protease, und
 - II eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen weiteren Teil der Protease, und
 - III einer Protease, die durch Proteolyse aktivierbar oder durch Proteolyse inaktivierbar ist,
- in der Zelle;

- B) Transkomplementation einer funktionalen Protease durch die Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners miteinander;
- C) Aktivierung der Proteasen, die proteolytisch aktivierbar sind, durch die transkomplementierte funktionale Protease aus Schritt B);
- 5 D) Aktivierung eines proteolytisch aktivierbaren oder eines proteolytisch inaktivierbaren Reporter-Systems durch die funktionalen Proteasen aus den Schritten B) und C).

10 Bei dieser Ausführungsform bewirkt zunächst das Auftreten einer spezifischen Protein-Interaktion eine Transkomplementation der Protease.. Die durch Proteininteraktion transkomplementierte funktionale Protease kann dann sowohl eine konstitutiv in der Zelle exprimierte Protease, die selbst proteolytisch aktivierbar, durch Proteolyse aktivieren als auch das ebenfalls proteolytisch aktivierbare, konstitutiv exprimierte Reporter-Protein
15 durch Proteolyse aktivieren. Die -ähnlich wie in einer Kettenreaktion- ansteigende Anzahl von durch Proteolyse aktivierten funktionalen Protease-Moleküle können schließlich zu einer dauerhaften, quasi-endlosen Bereitstellung des proteolytisch aktivierbaren, ebenfalls konstitutiv exprimierten Reporter-Proteins führen. Es ist bei dieser Ausführungsform alternativ auch möglich, ein durch Proteolyse inaktivierbares Reporter-Protein konstitutiv
20 in der Zelle zu exprimieren.

Zu den klassischen Reportergenen, die in dieser Ausführungsform in proteolytisch aktivierbarer oder in proteolytisch inaktivierbarer Form in der Zelle exprimiert werden, werden in diesem Zusammenhang folgende Reporter gezählt:

- 25 -direkt in vivo und in vitro nachweisbare und quantifizierbare Proteine (Epi- bzw. auto-fluoreszente Proteine wie z.B. das green fluorescent protein GFP und Verwandte oder Aequorin).
- indirekt in vivo und in vitro nachweisbare und quantifizierbare Enzyme (Luziferase, beta-Galaktosidase, alkalische Phosphatase, beta-Lactamase, u.ä.).
- 30 -Exponierte Oberflächenproteine die biochemisch nachweisbar sind bzw. zur Affinitätsisolation von Zellen geeignet sind.
- Resistenz gegen zytotoxische Substanzen oder Minimalmedien vermittelnde Proteine oder Enzyme (Neomycin, Puromycin, Blastizidin S, Zeocin, Ampicillin, Kanamycin, Gentamycin, Tetrazyklin, Xanthine-Guanine Phosphoribosyl Transferase (XGPT) u.ä.).
- 35 - zytotoxische oder pro-apoptotische Proteine (Diphtherie Toxin, aktivierte Caspasen u.ä.)
- Proteine die Wachstum oder Morphologie der exprimierende Zelle ändern.

Zur lokalen Detektion der Interaktion losgelöst vom beschriebenen Reportersystem im Kern, können in einer Abwandlung alternative Reporter verwendet werden. Eine durch Proteininteraktion transkomplementierte Protease aktiviert eine proteolytisch aktivierbare Protease und ein durch Proteolyse aktivierbares Reporterprotein wie z.B. GFP. Die konstitutiv exprimierten Komponenten, die proteolytisch aktivierbare Protease und das proteolytisch aktivierbare Reporterprotein, werden sofort nach Synthese wieder gespalten, was zu einer andauernden Aktivierung führt. Der Nachweis kann prinzipiell in jedem Kompartiment und außerhalb der Zelle erfolgen. Die Komponenten werden nach Fusion mit entsprechenden Signalsequenzen in die entsprechenden Kompartimente sortiert und werden dort prozessiert und aktiviert. Der Nachweis erfolgt in situ.

Weitere Abwandlungen des obigen Verfahrens zur Analyse von Protein-Interaktionen mit einer quasi-endlosen Signalverstärkung stellen die folgenden Ausführungen 1.) und 2.) dar und werden im folgenden näher erläutert:

1. In dieser Abwandlung aktiviert eine durch eine spezifische Proteininteraktion transkomplementierte Protease proteolytisch einen Transkriptionsfaktor, der dann zusätzlich zu einem herkömmlichen Reportergen, wie z.B. beta-Galaktosidase, Luziferase, GFP-Varianten, etc., auch die Expression einer intakten Version der gleichen Protease anschaltet. Nach der Aktivierung der Komponenten kommt es so zu einer dauerhaften Aktivierung des Gesamtreportersystems: der konstitutiv exprimierte proteolytisch aktivierbare Transkriptionsfaktor wird unabhängig von einer weiteren durch Transkomplementation bereitgestellten Protease-Aktivität sofort nach seiner Synthese wieder gespalten, da die mit dem Reportergen koexprimierte Protease permanent zur Verfügung steht und sich in der Zelle akkumulieren kann.

2. In dieser weiteren Abwandlung wird eine proteolytisch aktivierbare Protease und ein durch Proteolyse aktivierbares Reporterprotein wie z.B. GFP oder seine Varianten, durch eine durch Proteininteraktion transkomplementierte Protease aktiviert. Die proteolytische Aktivierbarkeit des Reporter-Proteins bzw. der Protease kann beispielsweise durch das Einfügen einer oder mehrerer Erkennungsstellen für die Protease in das entsprechende Protein auf DNA-Ebene erreicht werden. Die konstitutiv exprimierten Komponenten, die proteolytisch

aktivierbare Protease und das proteolytisch aktivierbare Reporterprotein, werden sofort nach ihrer Synthese proteolytisch gespalten und damit aktiviert. Auf diese Weise stehen nachfolgend immer ausreichend funktionale Proteasen zur Verfügung, die wiederum ständig die konstitutiv exprimierten proteolytisch aktivierbaren Reporterproteine aktivieren können. Das Detektionssignal verstärkt sich somit selbst und ist somit permanent.

Der Nachweis kann prinzipiell auch in jedem Kompartiment der Zelle und auch außerhalb der Zelle erfolgen. Die Komponenten werden hierbei nach Fusion mit entsprechenden Signalsequenzen in die entsprechenden Kompartimente sortiert und werden dort prozessiert und aktiviert. Der Nachweis erfolgt hierbei in situ.

3. In dieser Abwandlung des Verfahrens wird ein durch Proteolyse aktivierbares oder ein durch Proteolyse inaktivierbares Reporter-Protein in der Zelle konstitutiv exprimiert, welches dann durch eine Protein-Interaktions-abhängige Transkomplementation einer Protease-Aktivität proteolytisch gespalten und damit - je nach Ausgestaltung des Systems- entweder aktiviert oder inaktiviert wird. Auch bei dieser Ausführungsform kommt es zu einer gewissen Verstärkung des Detektionssignals, da das konstitutiv exprimierte proteolytisch aktivierbare bzw. inaktivierbare Reporter-Protein sich in der Zelle akkumulieren kann und somit im Überschuß vorhanden ist. Eine weitere Potenzierung der Signalstärke kann durch den Einsatz von beispielsweise Enzymen mit quantifizierbarer Aktivität und mit hoher Umsatzrate als Reporter-Gen erreicht werden.

4. In dieser der Ausführungsform 3.) sehr verwandten Abwandlung wird in der Zelle ein erstes Fusionsprotein, umfassend den ersten Interaktionspartner und eine funktionale Protease, und ein zweites Fusionsprotein, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen durch Proteolyse aktivierbaren oder inaktivierbaren Reporter, heterolog exprimiert.

Findet eine spezifische Protein-Protein-Interaktion zwischen dem ersten und dem zweiten Interaktionspartner statt, kommt es zur Ausbildung einer engen räumlichen Proximität zwischen der funktionalen Protease und dem durch Proteolyse aktivierbaren bzw. inaktivierbaren Reporter-Proteins. Durch proteolytische Aktivierung bzw. Inaktivierung des Reporter-Proteins kommt es dann ähnlich wie in Ausführungsform 3.) zu einem interaktionsabhängigen Detektionssignal.

Die Erfindung betrifft weiterhin Screening-Verfahren zur Identifizierung eines spezifischen Interaktionspartners eines Köder-Proteins unter Durchführung eines der genannten erfindungsgemäßen Verfahren. Besonders bevorzugt sind hierbei Screening-Verfahren, bei denen eine cDNA-Bibliothek oder eine sogenannte ORF (open reading frame)- Bibliothek eingesetzt wird.

Die erfindungsgemäßen Verfahren zur Detektion von Protein-Interaktionen gestatten es ebenso, die Dissoziation von spezifischen Protein-Protein-Interaktionen zu detektieren. Hierbei wird die Protease-Aktivität bzw. die Rekombinase-Aktivität direkt an die Protein-Protein-Interaktion funktionell gekoppelt und zwar in der Weise, daß das Auftreten der Protein-Protein-Interaktion zunächst keine Aktivierung der Protease oder Rekombinase bewirkt und daher noch keine permanente Aktivierung des verwendeten Reporter-Systems verursacht. Erst die aktive Dissoziation führt dann zur Aktivierung der Proteasen bzw. Rekombinasen und anschließend zur Aktivierung des nachgeschalteten Reportersystems.

Alle oben beschriebenen erfindungsgemäßen Ausführungsformen zur Analyse und Detektion von Assoziationen zwischen zwei interagierenden Proteinen können demnach auch in ihrer "reversen" Ausführungsform verwendet werden. Diese "reversen" Ausführungsformen sind daher ausdrücklich auch Gegenstand der vorliegenden Erfindung und umfassen ebenfalls die Generation permanenter Detektionssignale, welche gegenüber der klassischen Transkriptionsaktivierung von Reporter-Systemen verstärkt sind. In einigen Ausführungsformen werden sogar quasi-endlos verstärkte Detektionssignale erzeugt, die die induzierte Dissoziation einer spezifischen Interaktion anzeigen.

Die "reversen" Ausführungsformen eignen sich vor allem für solche Fragestellungen, die die Analyse der Dynamik einer spezifischen Protein-Protein-Interaktion mit zwei bekannten Interaktionspartnern betreffen. Sie eignen sich außerdem zur Ermittlung von Substanzen, die einen Einfluß auf die Beständigkeit der besagten Interaktion haben, so insbesondere Inhibitoren oder auch Aktivatoren der besagten Interaktion. So wäre es insbesondere möglich, ein high-throughput-Screening-Verfahren, insbesondere unter Verwendung einer Bibliothek von niedermolekularen Substanzen, durchzuführen, um einen spezifischen, eventuell therapeutisch einsetzbaren Inhibitor einer physiologisch bedeutenden -und möglicherweise auch krankheitsrelevanten- Protein-Interaktion zu identifizieren.

Bei den reversen Ausführungsformen des erfindungsgemäßen Verfahrens wird demnach eine Rekombinase- oder Protease-Aktivität in der Zelle als Folge der induzierten Dissoziation einer definierten Interaktion zwischen Interaktionspartnern, insbesondere

zwischen Proteinen oder Protein-Komplexen bereitgestellt, welche letztlich in der Zelle in ein permanentes Detektionssignal umgesetzt werden, d.h. welches insbesondere zur Aktivierung eines Rekombinase-abhängigen Reporter-Systems oder zur Aktivierung eines klassischen Reportersystems gegebenenfalls unter Koexpression einer funktionalen Protease zur dauerhaften Aktivierung des Gesamt-Reporter-Systems führt.

Bei allen reversen Ausführungsformen des erfindungsgemäßen Verfahrens werden vorzugsweise transiente induzierte Dissoziationen der betreffenden Interaktionspartner detektiert, da das bei diesem Verfahren erzeugte dauerhafte Detektionssignal besondere Vorteile für die transiente Dissoziationen mit sich bringt.

Die induzierte Dissoziation der definierten Interaktion zwischen Proteinen oder Protein-Komplexen wird vorzugsweise durch die Gegenwart eines spezifischen Inhibitors einer Protein-Interaktion oder durch die Gegenwart eines spezifischen Stimulus, der die Stabilität oder Lebensdauer einer Protein-Interaktion beeinflusst, verursacht.

Zu den klassischen Reporter-Systemen zählen im Rahmen dieser Erfindung fluoreszierende Reporter-Proteine, wie GFP und alle seine kommerziell erhältlichen Varianten, Enzyme mit nachweisbarer Aktivität, wie Luciferase, beta-Galaktosidase, etc., oder Resistenz-vermittelnde Gene oder Gene, deren Expression zum Wachstum der Zellen unter bestimmten Mangelbedingungen notwendig ist. Weiterhin können alle proteolytisch aktivierbaren und proteolytisch inaktivierbaren Formen der oben genannten Reporter-Gen-Systeme bei den erfindungsgemäßen Ausführungsformen eingesetzt werden.

In einer bevorzugten reversen Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens wird eine als Folge der induzierten Dissoziation einer Protein-Interaktion die Aktivität einer Rekombinase durch die folgenden Schritte bereitgestellt und in ein permanentes Detektionssignal umgesetzt:

- O) Expression und Interaktion
 - Oa) eines ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und eine funktionale Rekombinase, und
 - Ob) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen Inhibitor der Rekombinase
- in der Zelle,
- P) induzierte Dissoziation der interagierenden Fusionsproteine und dadurch Aufhebung der Proximität zwischen der Rekombinase und ihrem Inhibitor,

Q) Aktivierung des Rekombinase-abhängigen Reportersystems durch die funktionale Rekombinase aus Schritt P).

5 Dieses reverse Ausführungsform des Verfahrens kann auch so abgewandelt werden, daß als Folge der Dissoziation einer definierten Protein-Interaktion die Aktivität einer Rekombinase dadurch bereitgestellt und in ein permanentes Detektionssignal umgesetzt wird, daß in Abhängigkeit von der Dissoziation der definierten Protein-Interaktion ein spezifischer Transkriptionsfaktor im Zellkern der Zelle bereitgestellt wird, welcher anschließend die Expression einer Rekombinase induziert und daraufhin ein Rekombinase-
10 abhängiges Reporter-Gen aktiviert.

Im einzelnen kann diese Ausführungsform vorzugsweise durch die folgenden Einzelschritte bewerkstelligt werden:

- 15 R) Expression und spezifische Interaktion eines
- Ra) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und eine funktionale Protease und
 - Rb) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen Inhibitor für die funktionale Protease,

20

wobei gegebenenfalls mindestens eines der beiden Fusionsproteine eine weitere Domäne besitzt, die zur Verankerung des Fusionsproteins außerhalb des Zellkerns führt,

und

25

- Rc) Expression eines funktionalen Proteins ausgewählt aus der Gruppe der Transkriptionsfaktoren, Rekombinasen und proteolytisch aktivierbare oder inaktivierbare Reporter-Proteine, welches gegebenenfalls eine weitere Domäne des ersten oder zweiten Fusionsproteins darstellt und gegebenenfalls von den übrigen Domänen durch eine Erkennungs- und Schnittstelle für die Protease proteolytisch abspaltbar ist,
30 oder welches gegebenenfalls ein weiteres konstitutiv exprimiertes Fusionsprotein darstellt und gegebenenfalls eine Domäne zur Verankerung außerhalb des Zellkerns besitzt und durch eine Erkennung- und Schnittstelle für die Protease von seiner
35 Verankerung proteolytisch abspaltbar ist,

- Rd) gegebenenfalls Expression einer proteolytisch aktivierbaren Protease,
in der Zelle,
- 5 S) induzierte Dissoziation der interagierenden Fusionsproteine, dadurch
Aufhebung der Proximität zwischen der Protease und ihrem Inhibitor und
Bereitstellung einer funktionalen Protease,
- 10 T) proteolytisches Abspalten der funktionalen Rekombinase oder des
funktionalen Transkriptionsfaktors aus Rc) von seiner Verankerung
außerhalb des Zellkerns durch die funktionale Protease aus Schritt S) und
Transport in den Zellkern,
- U) Aktivierung eines Rekombinase-abhängigen Reporter-Systems
oder
- V) proteolytische Aktivierung der proteolytisch aktivierbaren Protease aus Rd)
durch die funktionale Protease aus Schritt S),
- 15 W) Aktivierung oder Inaktivierung der proteolytisch aktivierbaren oder
inaktivierbaren Reporterproteine aus Rc) durch die funktionalen Proteasen
aus Schritt S) und aus Schritt V).

20 Durch Fusion einer funktionellen Protease an einen Interaktionspartner A und durch
Fusion eines spezifischen Protease-inhibierenden Proteins oder Peptides an
Interaktionspartner B wird die proteolytische Aktivität geblockt. Die Interaktionspartner
können auch Komponenten eines Proteinkomplexes sein. Nach Dissoziation wird die
Protease aktiv und kann das Reportersystem aktivieren. Durch die Kopplung an ein
5 dauerhaft aktiviertes Reportersystem, kann auch eine transiente Dissoziation detektiert
werden.

Als konstitutiv exprimierte funktionale Proteinkomponente, die zunächst außerhalb des
Zellkerns verankert ist, eignet sich hierbei insbesondere ein Transkriptionsfaktor, der zur
30 Aktivierung eines Reporter-Gens geeignet ist, oder auch eine Rekombinase, deren
Aktivität durch das Herausschneiden einer von Rekombinations-Erkennungsstellen
flankierten Stop-Kassette aus einem Reporter-Gen die Expression dieses Reporter-Gens
induziert.

35 In einer Abwandlung der obigen reversen Ausführungsform wird demnach in Schritt R) als
funktionales Protein Rc) ein funktionaler, von seiner Verankerung außerhalb des Zellkerns
proteolytisch abspaltbarer Transkriptionsfaktor exprimiert, der in Schritt T) durch die

funktionale Protease aus Schritt S) von seiner Verankerung proteolytisch abgespalten wird und der in Schritt U) ein Rekombinase-unabhängiges, klassisches Reporter-Gen aktiviert.

5 In einer weiteren Abwandlung der obigen reversen Ausführungsform wird somit in Schritt R) als weiteres funktionales Protein Rc) eine funktionale, von ihrer Verankerung außerhalb des Zellkerns proteolytisch abspaltbare Rekombinase exprimiert, die in Schritt T) durch die funktionale Protease aus Schritt S) von ihrer Verankerung proteolytisch abgespalten wird und die in Schritt U) ein Rekombinase-abhängiges Reporter-Gen aktiviert.

10 Alternativ zur Expression einer funktionalen Proteinkomponente, die außerhalb des Zellkerns verankert ist, kann auch ein proteolytisch aktivierbares bzw. proteolytisch inaktivierbares Reporter-Protein in der Zelle heterolog exprimiert werden, welches dann durch die Dissoziations-abhängig bereitgestellte Protease-Aktivität proteolytisch aktiviert bzw. inaktiviert werden kann. Dies kann durch die Koexpression einer proteolytisch
15 aktivierbaren Protease in ein dauerhaftes Detektionssignal umgesetzt werden.

In einer weiteren Abwandlung der obigen reversen Ausführungsform wird in Schritt R) als
20 weiteres funktionales Protein Rc) ein proteolytisch aktivierbares Reporterprotein oder ein proteolytisch inaktivierbares Reporterprotein exprimiert, welches in Schritt T) durch die funktionale Protease aus Schritt S) proteolytisch aktiviert oder proteolytisch inaktiviert und unter Verzicht auf Schritt U) direkt quantifiziert wird. Das proteolytisch aktivierbare oder proteolytisch inaktivierbare Reporterprotein muß hierbei nicht unbedingt außerhalb des Zellkerns verankert sein.

25 In einer weiteren reversen Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens wird als Folge der induzierten Dissoziation einer spezifischen Protein-Interaktion die Aktivität einer Rekombinase durch die folgenden Schritte bereitgestellt und in ein permanentes Detektionssignal umgesetzt:

- 30 ≥ Expression und spezifische Interaktion eines
- ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und einen Transkriptionsfaktor mit einer DNA-Bindungsdomäne und einer schwachen Transkriptionsaktivierungsdomäne, und
 - eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und eine
35 starke transkriptionelle Repressionsdomäne,
- in der Zelle,
- ≥ induzierte Dissoziation der interagierenden Fusionsproteine

≥ Induktion der Transkription des Rekombinase-Gens durch das erste Fusionsprotein.

Bei diesem Verfahren wird der an sich funktionale Transkriptionsfaktor, der vom ersten Fusionsprotein umfaßt ist, solange durch die funktional dominierende starke transkriptionelle Repressionsdomäne auf dem zweiten Fusionsprotein inaktiv gehalten, bis eine induzierte Dissoziation der spezifischen Protein-Protein-Interaktion stattfindet und somit die Proximität zwischen der transkriptionelle Repressionsdomäne und dem Transkriptionsfaktor aufgehoben ist. Nach Dissoziation der interagierenden Komponenten werden somit die Reportergene exprimiert und aktivieren dauerhaft das Reportersystem.

In einer weiteren reversen Abwandlung des erfindungsgemäßen Verfahrens kann durch die Interaktion zweier Fusionsproteine ein Transportsignal (z.B. ein Kernimport-Signal des einen Partners) maskiert werden. Dieses Transportsignal wird erst nach Dissoziation der Protein-Interaktion wieder freigesetzt und das entsprechende Fusionsprotein kann dann erst in den Kern gelangen und als aktivierender Transkriptionsfaktor Reportergen-Systeme aktivieren.

Die Erfindung betrifft weiterhin ein Screening-Verfahren zur Identifikation und Charakterisierung von spezifischen Inhibitoren einer definierten Protein-Interaktion oder zur Identifikation und Charakterisierung eines definierten Stimulus, der eine definierte Protein-Interaktion beeinflußt, unter Durchführung eines der oben genannten reversen erfindungsgemäßen Verfahren.

Einen weiteren Gegenstand der Erfindung stellen die Zellen dar, in die die bei den verschiedenen erfindungsgemäßen Ausführungsformen erforderlichen Proteinkomponenten auf DNA-Ebene in Expressionsvektoren heterolog eingebracht worden sind. Hierzu können die Zellen mit den entsprechenden Expressionsvektoren umfassend Expressionskassetten der gewünschten Protein-Komponenten entweder stabil oder transient eingebracht werden, wie unter i) bis vii) aufgeführt:

- i) ein Rekombinase-Gen, welches unter der Kontrolle eines Transkriptionsfaktors steht,

ii) ein Konstrukt, das eine von Rekombinationsstellen flankierte Stop-Kassette mit der nachgeschalteten Nukleotidsequenz eines Reporter-Gens unter der Kontrolle eines konstitutiven Promoters umfaßt,

5 iii) ein Konstrukt, umfassend eine außerhalb des Zellkerns verankerte Rekombinase, welche proteolytisch abspaltbar ist,

iv) ein Konstrukt, umfassend einen außerhalb des Zellkerns verankerten Transkriptionsfaktor, welcher proteolytisch abspaltbar ist,

10 v) ein Konstrukt, umfassend ein proteolytisch aktivierbares oder inaktivierbares Reporter-Protein,

vi) ein Konstrukt, umfassend eine proteolytisch aktivierbare Protease,

vii) ein Protease-Gen, welches unter der Kontrolle eines Transkriptionsfaktors steht.

15 Die Zellen, die für die erfindungsgemäßen Verfahren verwendet werden, sind entweder Hefezellen, Bakterienzellen oder Zellen höherer eukaryontischer Organismen (insbesondere neuronale Zellen und Säuger-Zelllinien [z.B. Embryonale Karzinomazellen, Embryonale Stammzellen, P19-, F9-, PC12-, HEK293-, HeLa-, Cos-, BHK-, CHO-, NT2-, SHSY5Y-Zellen]).

20 Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist ein Kit zur Detektion und zur Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle, umfassend Expressionsvektoren, die die Nukleotidsequenzen kodierend für mindestens die folgenden Protein-Komponenten jeweils unter der Kontrolle von heterologen Promotoren umfassen:

- 25 1. erstes Fusionsprotein, umfassend eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des Köder-Proteins und einen Teil einer Protease;
2. zweites Fusionsprotein, umfassend eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des Beute-Proteins und einen weiteren Teil einer Protease;
- 30 3. gegebenenfalls eine funktionale Rekombinase oder ein funktionaler Transkriptionsfaktor, der von einer Domäne zur Verankerung ausserhalb des Zellkerns durch eine Erkennungs- und Schnittstelle für eine Protease proteolytisch abspaltbar ist, wobei diese Komponenten entweder als weitere Anteile des ersten oder zweiten Fusionsproteins oder als eigenständiges drittes Fusionsprotein eingesetzt werden können;

35 und gegebenenfalls umfassend Expressionsvektoren, die mindestens eines der folgenden Konstrukte umfassen:

4. ein Konstrukt zur Expression eines Rekombinase-Gens, welches unter der Kontrolle des funktionalen Transkriptionsfaktors aus Nr. 3. steht;
5. ein Konstrukt, das eine von spezifischen Rekombinationsstellen flankierte Stop-Kassette mit der nachgeschalteten Nukleotidsequenz eines Reporter-Gens unter der Kontrolle eines konstitutiven Promoters umfaßt;
6. ein Konstrukt zur Expression eines proteolytisch aktivierbaren oder proteolytisch inaktivierbaren Reporter-Gens;
7. ein Konstrukt zur Expression einer proteolytisch aktivierbaren Protease.

Der Kit kann anstelle der oben genannten Komponenten 1.) und 2.) auch modifizierte Varianten dieser beiden Fusionsproteins umfassen, nämlich ein erstes Fusionsprotein, welches eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des Köder-Proteins und eine funktionale Protease umfaßt, und ein zweites Fusionsprotein, welches eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des Beute-Proteins und ein funktionales proteolytisch abspaltbares Protein aus der Gruppe der Rekombinasen oder Transkriptionsfaktoren umfaßt.

Weiterhin kann der Kit anstelle der obigen Komponenten 1.) und 2.) auch weitere modifizierte Varianten dieser beiden Fusionsproteine umfassen, nämlich insbesondere ein erstes Fusionsprotein, welches eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des Köder-Proteins und ein funktionales Enzym aus der Gruppe der Proteasen und Rekombinasen umfaßt, und ein zweites Fusionsprotein, welches eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des Beute-Proteins und einen funktionalen Inhibitor oder Aktivator für das funktionale Enzym aus der Gruppe der Proteasen und Rekombinasen umfaßt.

Das Gen des zweiten Fusionsprotein auf einem Expressionsvektor wird bevorzugt so bereitgestellt, daß in die Klonierungsstelle zur Einklonierung des Beute-Proteins bereits eine cDNA-Bibliothek einkloniert wurde.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung betrifft ein Kit zur Detektion und zur Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle umfassend Expressionsvektoren, die die Nukleotidsequenzen kodierend für mindestens die folgenden Protein-Komponenten jeweils unter des Kontrolle von heterologen Promotoren umfassen:

1. ein erstes Fusionsprotein, umfassend eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des ersten Interaktionspartners und einer funktionalen Protease;

2. ein zweites Fusionsprotein, umfassend eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des zweiten Interaktionspartners und eines Proteins ausgewählt aus der Gruppe der Rekombinasen, Transkriptionsfaktoren und Reporter-Proteine,
5 welches gegebenenfalls außerhalb des Zellkerns verankert ist,

und gegebenenfalls umfassend Expressionsvektoren, die mindestens eines der folgenden Konstrukte umfassen:

- 10 3. ein Konstrukt zur Expression eines Rekombinase-Gens, welches unter der Kontrolle des funktionalen Transkriptionsfaktors aus Nr. 2. steht;
4. ein Konstrukt, das eine von Erkennungsstellen für Rekombinasen flankierte Stop-Kassette mit der nachgeschalteten Nukleotidsequenz eines Reporter-Gens unter der Kontrolle eines konstitutiven Promoters umfaßt.

15 Ein weiterer erfindungsgemäßer Kit zur Detektion und zur Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle umfaßt Expressionsvektoren, die die Nukleotidsequenzen kodierend für mindestens die folgenden Protein-Komponenten jeweils unter der Kontrolle von heterologen Promotoren umfassen:

- 20 1. ein erstes Fusionsprotein, umfassend eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des ersten Interaktionspartners und eines ersten Teils eines Proteins ausgewählt aus der Gruppe der Transkriptionsfaktoren oder Rekombinasen;
2. ein zweites Fusionsprotein, umfassend eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des zweiten Interaktionspartners und eines zweiten Teils eines Proteins ausgewählt aus der Gruppe der Transkriptionsfaktoren oder Rekombinasen;

30 und gegebenenfalls umfassend Expressionsvektoren, die mindestens eines der folgenden Konstrukte umfassen:

3. ein Konstrukt zur Expression eines Rekombinase-Gens, welches unter der Kontrolle des funktionalen, transkomplementierten Proteins aus Nr. 1 und 2 steht, wobei dieses Protein ein Transkriptionsfaktor ist;

4. ein Konstrukt, das eine von Erkennungsstellen für Rekombinasen flankierte Stop-Kassette mit der nachgeschalteten Nukleotidsequenz eines Reporter-Gens unter der Kontrolle eines konstitutiven Promoters umfaßt.

5

Alle erforderlichen Protein-Komponenten der erfindungsgemäßen Verfahren können hierbei sowohl durch transiente als auch durch stabile Transfektion oder Infektion in die Test-Zellen eingebracht werden. Das Einbringen in die Test-Zellen kann durch entsprechende Expressionsvektoren sowohl durch sämtliche dem Fachmann bekannten
10 Techniken der Transformation und Transfektion erfolgen, kann jedoch auch alternativ durch die Infektion mit Retroviren oder anderen viral-basierten Verfahren durchgeführt werden.

15

Weiterhin betrifft die vorliegende Erfindung auch die Verwendung mindestens eines Enzyms aus der Gruppe der Rekombinasen und Proteasen zur Protein-Interaktions-abhängigen Erzeugung eines permanenten und verstärkten Detektionssignals in der Zelle.

20

Die beschriebenen Ausführungsformen bzw. reverse Ausführungsformen des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Analyse der Assoziation bzw. der Dissoziation von Interaktionspartnern oder von Komponenten eines Proteinkomplexes sind insbesondere dazu geeignet,

5

A) unbekannte Proteine aus cDNA- oder ORF- (Open Reading Frame)-Bibliotheken zu isolieren, die stimulations-abhängig mit einem bekannten Partner interagieren oder neuartige Interaktionen bekannter Proteine zu charakterisieren und Interaktionsdomänen und Regulationsmechanismen zu identifizieren.

30

B) biologische Mechanismen aufzuklären, die das Ausbilden von Proteinkomplexen und deren dynamische Zusammensetzung steuern.

C) Substanzen zu isolieren, die direkt oder indirekt mit spezifischen Proteininteraktionen interferieren, d.h. die Protein-Interaktionen inhibieren oder fördern.

35

D) stimulus-abhängige Protein-Protein Interaktionen für eine Vielzahl verschiedener Signaltransduktionswege zu charakterisieren. Diese können dann als Nachweisverfahren für die Aktivierung von den entsprechenden zellulären Signalmechanismen oder zur Analyse des physiologischen Zustandes von Zellen z.B. nach der Zugabe von Wirkstoffen oder nach Änderung der Kultivierungsbedingungen genutzt werden.

Für die Identifizierung und Charakterisierung neuartiger Protein-Interaktionen bieten sich folgende Strategien und Techniken an:

- 5 1.) Zelllinien, die entsprechende Komponenten des Reportersystems stabil exprimieren, können mit einer komplexen Mischung von Retroviren infiziert werden, wobei die Retroviren so konstruiert sind, daß nach Integration ein bekanntes Bait-Fusionsprotein und ein unbekanntes Prey-Fusionsprotein in einer Zelle koexprimiert werden können. Die Prey-Fusionsproteine können durch
10 molekulare Klonierung Gewebe- oder zelltyp-spezifischer komplexer cDNAs hergestellt werden. Die Koexpression der Bait- und Prey-Fusionsproteine kann durch bicistronische RNAs durch Verwendung von *internal ribosomal entry sites*, den sogenannten IRES-Elementen (wie z.B. des EMC-Virus), erreicht werden (Vagner, Galy et al. 2001) (Pestova, Kolupaeva et al. 2001). Die Verwendung
15 bidirektionaler Promoter ermöglicht ebenfalls die simultane Koexpression zweier Proteine (Baron, Freundlieb et al. 1995). Die Identifizierung unbekannter Interaktionspartner kann durch Amplifikation und Sequenzierung der exprimierten cDNAs aus wachstums-selektierten oder durch *fluorescent-activated-cell-sorting* (FACS) isolierten Zellen bzw. Zellklonen erfolgen.
- 20 2.) Zelllinien, die entsprechende Komponenten des Reportersystems stabil exprimieren, können mit einer komplexen Mischung von Retroviren infiziert werden, wobei die Retroviren so konstruiert sind, daß nach Integration jeweils ein unbekanntes Bait-Prey Paar in einer Zelle koexprimiert wird. Die Bait- und Prey-Fusionsproteine können durch molekulare Klonierung und Kombination definiert-
25 komplexer cDNA-Pools hergestellt werden. Die Koexpression und Identifizierung der unbekannten Partner kann wie unter 1.) beschrieben erfolgen.
- 30 3.) Zelllinien, die entsprechende Komponenten des Reportersystems stabil exprimieren, können mit einer komplexen Mischung von Retroviren infiziert werden, wobei die Retroviren so konstruiert sind, daß nach Integration jeweils ein unbekanntes Prey-Fusionsprotein in einer Zelle exprimiert wird. Nach transienter Transfektion oder Infektion einer entsprechend großen Zahl von Zellen mit Expressions-Plasmiden, die für ein oder mehrere Bait-Fusionsproteine kodieren,
35 können neuartige Interaktionspartner, wie unter 1.) beschrieben, isoliert werden.

4.) Die unter 3.) beschriebene Strategie kann auch in Zellen durchgeführt werden, die keine oder nur eine Komponente des entsprechenden Reportersystems exprimiert. Bei der transienten Transfektion oder Infektion des Bait-Expressionsplasmids müssen die fehlenden Komponenten mit in die Zelle eingebracht werden.

5.) Verschiedene Zelltypen, die Komponenten des Reportersystems stabil exprimieren, aber nicht notwendigerweise müssen, können in Hochdurchsatz-Transfektionen oder Transformationen von komplexen Bibliotheken charakterisierter Prey-Expressionsplasmide zusammen mit einem oder mehreren bekannten Bait-Expressionsplasmiden analysiert werden. Bei nicht modifizierten Zellen müssen u.U. Komponenten des bevorzugten Reportersystems kotransfiziert werden. Komplexe Plasmidbibliotheken, mit einer stetig wachsenden Anzahl definierter cDNAs mit einem offenen Leseraster (*open reading frame* = ORF) werden von mehreren Anbietern angeboten (Brizuela, Braun et al. 2001). Das Format dieser Bibliotheken ist so gestaltet, daß durch einfache Rekombination die gewünschten N- oder C-terminalen Fusionsproteine in entsprechenden Plasmidvektoren exprimiert werden können (Simpson, Wellenreuther et al. 2000). Für den Nachweis ist es notwendig, daß bei einer gegebenen Transfektionseffizienz eine ausreichend große Zahl von Zellen pro Ansatz transfiziert wurde. Der Nachweis kann bei der Verwendung von Fluoreszenz-Reportern durch automatisierte Bildanalyse erfolgen oder bei Verwendung enzymatischer oder bioluminiszenter Reporter durch etablierte Verfahren nach dem Stand der Technik erfolgen.

6.) Wie unter 5.) beschrieben, können Zellen zur Analyse von Protein-Interaktionen mit einer Kombination entsprechender Expressionsplasmide transfiziert werden, wobei die Transfektion durch das Aufbringen der Plasmid-DNA oder der Plasmid-DNA-Mischung auf eine entsprechende Oberfläche und Behandlung mit bestimmten Transfektionsagentien erreicht wird. Dieses Verfahren wird als 'reverse Transfektion' bezeichnet und ermöglicht eine simultane Hochdurchsatz-Analyse entsprechender ORF-Expressionsbibliotheken (Ziauddin and Sabatini 2001).

7.) Durch die Verwendung der hier dargestellten Nachweisverfahren, die transiente Effekte in ein dauerhaftes Signal umwandeln können, ist es weiterhin möglich, gängige Methoden des Einbringens von Peptiden- oder Proteinfusionen in Zellen zu nutzen, obwohl die Stabilität von exogenen Proteinen bzw. Peptiden in der Zelle sehr kurz sein kann. Gängige Verfahren zum Einbringen von Peptiden oder Fusionsproteinen sind von Prochiantz beschrieben (Prochiantz 2000). Die

entsprechenden zellgängigen Fusionsproteine können vorher auf verschiedene Weise modifiziert worden sein, z.B. durch Kopplung niedermolekularer Wirkstoffe, durch Kopplung bestimmter Lipide oder anderer Substanzklassen.

5

Die erfindungsgemäßen Verfahren werden durch die Zeichnungen näher erläutert:

Zur Verdeutlichung der molekularen Schaltermechanismen sind in den schematischen Zeichnungen inaktive Elemente grau dargestellt, aktivierte Elemente sind schwarz unterlegt.

10

Es zeigt

Fig. 1 die schematische Darstellung der verwendeten Plasmid-Konstrukte für das Cre-Rekombinase abhängige Zwei-Hybrid System in Säugerzellen

15

Fig. 2 ein Ablaufschema des Cre-Rekombinase abhängigen Zwei-Hybrid Systems zur Detektion konstitutiver Protein-Protein Interaktionen

Fig. 3 GFP-Fluoreszenz- und Phasenkontrast-Aufnahmen der stabilen PC12 Zelllinie #20 nach Transfektion mit CMV-STOP/EGFP und GV

20

Fig. 4 GFP-Fluoreszenz- und Phasenkontrast-Aufnahmen der stabilen PC12 Zelllinie #20 nach Transfektion mit CMV-STOP/EGFP und GV drei Tage nach neuronaler Differenzierung durch NGF

25

Fig. 5 GFP-Fluoreszenz- und Phasenkontrast-Aufnahmen der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 nach Transfektion mit GV

Fig. 6 GFP-Fluoreszenz- und Phasenkontrast-Aufnahmen der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 nach Transfektion mit GV und vierwöchiger BlasticidinS Selektion

30

Fig. 7 GFP-Fluoreszenz- und Phasenkontrast-Aufnahmen der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 nach Transfektion mit GV, G-ME2bHLH und V-ND

5 Fig. 8 GFP-Fluoreszenz- und Phasenkontrast-Aufnahmen der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 nach Transfektion mit GV, G-ME2bHLH und V-ND nach Zugabe von TSA

Fig. 9 GFP-Fluoreszenz- und Phasenkontrast-Aufnahmen der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 nach Transfektion mit GV, G-GBR2cc, V-GBR2cc, G-GBR2ccDel und V-GBR2ccDel

10 Fig. 10 Auswertung der FACS-Analyse der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 nach Transfektion mit GV, G-GBR2cc, V-GBR2cc, G-GBR2ccDel und V-GBR2ccDel

15 Fig. 11 ein Ablaufschema des Cre-Rekombinase abhängigen Zwei-Hybrid Systems zur Detektion induziert und transienter Protein-Protein Interaktionen

Fig. 12 Auswertung der FACS-Analyse nach Transfektion der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 mit einer Vektorkontrolle, G-CREB, V-CBP/KIX und G-CREB mit V-CBP/KIX unter Kontrollbedingungen und nach Forskolin-Stimulation

20 Fig. 13 die schematische Darstellung der verwendeten Plasmid-Konstrukte für das Cre-Rekombinase gekoppelte Zwei-Schalter System in Säugerzellen

25 Fig. 14 ein Ablaufschema des Protease-abhängigen molekularen Schalters zur Aktivierung eines membran-gebundenen Transkriptionsfaktors

Fig. 15 Auswertung der FACS-Analyse nach Transfektion der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 mit einer Kontrolle, GV, TM/Tev, tevGV und TM/Tev mit tev/GV

Fig. 16 die schematische Darstellung der verwendeten Plasmid-Konstrukte für die Protein-Interaktions gekoppelten Trans-Komplementation von Fragmenten der TEV-Protease in Säugerzellen

5 Fig. 17 ein Ablaufschema des Protease-abhängigen molekularen Schalters zur Aktivierung eines membran-gebundenen Transkriptionsfaktors nach Protein-Interaktions gekoppelter funktioneller Rekonstituierung der TEV-Protease Fragmente

10 Fig. 18 Auswertung der FACS-Analyse nach Ko-Transfektion der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 mit TMtevGV und mit einer Kontrolle, TM-tev-GV, GBR1cc-CterTEV-71-243, GBR2cc-CterTEV-1-70

Fig. 19 die schematische Darstellung der verwendeten Plasmid-Konstrukte für das Protease gekoppelte Endlos-Schalter System

15

Fig. 20 ein Ablaufschema des Protease-abhängigen molekularen Schalters zur Aktivierung einer proteolytisch aktivierbaren, nicht-fluoreszenten GFP-Variante nach Protein-Interaktions gekoppelter funktioneller Rekonstituierung der TEV-Protease Fragmente

20

Fig. 21 ein Ablaufschema des Protease-abhängigen molekularen Endlos-Schalters zur Aktivierung einer proteolytisch aktivierbaren, inaktiven TEV-Protease und einer proteolytisch aktivierbaren nicht-fluoreszenten GFP-Variante nach Protein-Interaktions gekoppelter funktioneller Rekonstituierung der TEV-Protease Fragmente

25

Fig. 22 die schematische Darstellung der verwendeten Plasmid-Konstrukte für das Protease gekoppelte Reverse-Schalter System

30 Fig. 23 ein Ablaufschema des reversen Schalter Systems nach induzierter Dissoziation der bekannten Interaktion von Protein X fusioniert mit einem TEV-Inhibitor und

ProteinY fusioniert mit der intakten TEV-Protease, gekoppelt an das Zwei-Schalter System.

Fig. 24 die schematische Darstellung der verwendeten Plasmid-Konstrukte für das durch Proteaseexpression rückgekoppelte System zur Endlos-Aktivierung.

Fig. 25 zeigt ein Ablaufschema des durch Protein-Interaktions regulierte Proteaseexpression rückgekoppelte System zur Endlos-Aktivierung.

Im Detail verdeutlichen die Figuren 1 bis 25 die folgenden Punkte und Ausführungsformen:

Fig. 1 zeigt die schematische Darstellung der verwendeten Plasmid-Konstrukte für das Cre-Rekombinase abhängige Zwei-Hybrid System in Säugerzellen, wobei im einzelnen

≥ die als G5-Reporter bezeichneten Konstrukte G5-bGal, G5-EGFP und G5-Cre die beta-Galaktosidase, das Enhanced Green Fluorescent Protein bzw. die Cre-Rekombinase unter der Kontrolle eines Minimal-Promoters, der E1B-TATA Box, und fünf aufeinander folgenden Gal4-abhängigen Enhancer-Elementen aus der Hefe (Upstream Activating Sequence, UAS) exprimieren.

≥ die als G5C-Reporter bezeichneten Konstrukte G5C-EGFP und G5C-Cre das Enhanced Green Fluorescent Protein bzw. die Cre-Rekombinase unter der Kontrolle des humanen CMV-Minimal-Promoters (CMV_{min}) und fünf aufeinander folgenden Gal4-abhängigen Enhancer-Elementen aus der Hefe (Upstream Activating Sequence, UAS) exprimieren.

≥ die als CMV-STOP/Reporter bezeichneten Konstrukte CMV-STOP/EGFP, CMV-STOP/bGal und CMV-STOP/BlasR das Enhanced Green Fluorescent Protein, die beta-Galaktosidase, bzw. das gegen BlasticidinS-Resistenz vermittelnde Enzym unter der Kontrolle eines humanen CMV-Promoters exprimieren können, wenn die durch loxP-Sequenzelemente flankierte STOP-Kassette nach Cre-Rekombinase Aktivität entfernt wurde.

≥ die Komponenten des verwendeten Transkriptionsfaktors für das Zwei-Hybrid System in Säugerzellen dargestellt sind.

- Mit G bezeichnet ist das Konstrukt zur Expression der DNA-bindenden Domäne des Gal4 Transkriptionsfaktors aus Hefe (Gal4 DBD) unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters.

- Mit V bezeichnet ist das Konstrukt zur Expression der Transkriptions Aktivierungsdomäne des Herpes Simplex Virus-Protein VP16 (VP16 TAD) unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters.

- Mit GV bezeichnet ist das Konstrukt zur Expression der Fusion der DNA-bindenden Domäne des Gal4 Transkriptionsfaktors aus Hefe (Gal4 DBD) und der Transkriptions-Aktivierungsdomäne des Herpes Simplex Virus-Protein VP16 (VP16 TAD) unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters.

- Mit GX bezeichnet ist das Konstrukt zur Expression der DNA-bindenden Domäne des Gal4 Transkriptionsfaktors aus Hefe (Gal4 DBD) fusioniert mit Protein X unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters.

- Mit VY bezeichnet ist das Konstrukt zur Expression der Transkriptions Aktivierungsdomäne des Herpes Simplex Virus-Protein VP16 (VP16 TAD) fusioniert mit Protein Y unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters.

Fig. 2 zeigt ein Ablaufschema des Cre-Rekombinase abhängigen Zwei-Hybrid Systems zur Detektion konstitutiver Protein-Protein Interaktionen. Im Falle einer spezifischen Interaktion von GX und VY, die durch die Proteindomänen X und Y vermittelt wird, kommt es zur funktionellen Rekonstituierung eines Transkriptionsfaktors, der die Gal4-abhängige Expression der Cre-Rekombinase induziert. Die Aktivität des kern-lokalisierten Cre-Proteins führt zur Entfernung des transkriptionellen Inaktivierungselements (STOP) und zur dauerhaften Aktivierung nachgeschalteter Reportergene.

Fig. 3 zeigt GFP-Fluoreszenz- und Phasenkontrast-Aufnahmen der PC12 Zelllinie #20 nach Transfektion mit CMV-STOP/EGFP und dem Transkriptionsfaktor GV. Die Zelllinie #20 hat das Konstrukt G5C-Cre stabil integriert und zeigt nach Ko-Transfektion mit dem Cre-abhängigen Reporterkonstrukt CMV-STOP/EGFP keine EGFP Expression (unten links). Nach Ko-Transfektion von CMV-STOP/EGFP mit dem Transkriptionsfaktor GV kann eine GFP-Fluoreszenz nachgewiesen werden

(oben links). Die Phasenkontrast-Aufnahmen (rechts) zeigen eine vergleichbare Anzahl von Zellen.

5 Fig. 4 zeigt GFP-Fluoreszenz- und Phasenkontrast-Aufnahmen der stabilen PC12 Zelllinie #20 nach Transfektion mit CMV-STOP/EGFP und GV drei Tage nach neuronaler Differenzierung durch NGF. Die Induktion neuronaler Differenzierung und die damit verbundene Verhinderung weiterer Zellteilungen nehmen keinen Einfluß auf die Aktivierung der Cre-Rekombinase vermittelten GFP-Fluoreszenz nach Ko-Transfektion von CMV-STOP/EGFP mit dem Transkriptionsfaktor GV in der PC12-Zelllinie #20 (oben links). Die Darstellung der GFP-positiven Zellen unter höherer Vergrößerung zeigt die neuronale Morphologie (unten links).

15 Fig. 5 zeigt GFP-Fluoreszenz- und Phasenkontrast-Aufnahmen der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 nach Transfektion mit GV. Die Zelllinie #20.4 hat die Konstrukte G5C-Cre, CMV-STOP/EGFP und CMV-TkZeo/BlasR stabil integriert und zeigt nur nach Transfektion des Transkriptionsfaktors GV GFP-Fluoreszenz (oben links). Unter Kontrollbedingungen ist keine GFP-Fluoreszenz zu detektieren (unten links). Die Phasenkontrast-Aufnahmen zeigen eine vergleichbare Anzahl von Zellen (rechts).

20 Fig. 6 zeigt die GFP-Fluoreszenz- und Phasenkontrast-Aufnahmen der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 nach Transfektion mit GV und vierwöchiger BlasticidinS Selektion. Alle Zellen der BlasticidinS resistenten Zellklone zeigen eine vergleichbare GFP-Fluoreszenz, alle resistenten Zellklone sind GFP-positiv.

25 Fig. 7 zeigt die GFP-Fluoreszenz- und Phasenkontrast-Aufnahmen der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 zwei Tage nach Transfektion mit GV, G-ME2bHLH, V-ND und G-ME2bHLH mit V-ND. Die Zelllinie #20.4 zeigt nur nach Transfektion des Transkriptionsfaktors GV GFP-Fluoreszenz (oben links). Nach Ko-Transfektion der Zwei-Hybrid Interaktionspartner V-ND und G-ME2bHLH ist keine GFP-Fluoreszenz zu detektieren (unten links). Unter Kontrollbedingungen, Transfektion von V-ND oder G-ME2bHLH, ist ebenfalls keine GFP-Fluoreszenz nachzuweisen (Mitte links). Die Phasenkontrast-Aufnahmen zeigen eine vergleichbare Anzahl von Zellen (rechts).

30

Fig. 8 zeigt die GFP-Fluoreszenz- und Phasenkontrast-Aufnahmen der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 zwei Tage nach Transfektion mit GV, G-ME2bHLH, V-ND und G-ME2bHLH mit V-ND unter Zugabe von TSA. Die Zelllinie #20.4 zeigt nach Transfektion des Transkriptionsfaktors GV GFP-Fluoreszenz (oben links). Nach Ko-Transfektion der Zwei-Hybrid Interaktionspartner V-ND und G-ME2bHLH ist unter den TSA-Kultivierungsbedingungen ebenfalls GFP-Fluoreszenz zu detektieren (unten links). Unter Kontrollbedingungen, Transfektion von V-ND oder G-ME2bHLH, ist keine GFP-Fluoreszenz nachzuweisen (Mitte links). Die Phasenkontrast-Aufnahmen zeigen eine vergleichbare Anzahl von Zellen (rechts).

Fig. 9 zeigt die GFP-Fluoreszenz- und Phasenkontrast-Aufnahmen (kleines eingelassenes Bild) der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 nach Transfektion mit GV, G-GBR2cc, V-GBR1cc, G-GBR2cc mit V-GBR1cc und G-GBR2ccDel mit V-GBR1ccDel. Die Zelllinie #20.4 zeigt nach Transfektion des Transkriptionsfaktors GV GFP-Fluoreszenz (oben rechts). Nach Ko-Transfektion der Zwei-Hybrid Interaktionspartner G-GBR2cc, V-GBR1cc ist ebenfalls GFP-Fluoreszenz zu detektieren (unten links). Unter Kontrollbedingungen, Transfektion eines Leervektors (Kontrolle, oben links) und der einzeln transfezierten Interaktionspartner (G-GBR2cc oder V-GBR1cc, unten links) ist keine GFP-Fluoreszenz nachzuweisen (Mitte links). Nach Ko-Transfektion von Plasmiden die für coiled-coiled Deletionsmutanten der intrazellulären Domänen von GBR1 und GBR2 kodieren ist ebenfalls keine GFP-Fluoreszenz nachzuweisen (G-GBR2ccDel und V-GBR1ccDel, unten halbrechts). Die Phasenkontrast-Aufnahmen zeigen eine vergleichbare Anzahl von Zellen (kleine eingepasste Abbildung).

Fig. 10 zeigt die quantitative Auswertung der FACS-Analyse der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 zwei Tage nach Transfektion mit GV, V-GBR1cc, G-GBR2cc und V-GBR1cc zusammen mit G-GBR2cc, dargestellt als die relative Zahl der GFP-positiven Zellen. Zwei Tage nach Ko-Transfektion der Interaktionspartner G-GBR2cc und V-GBR1cc können im Vergleich zu den Kontrollen, Leervektor (vector control) und der Einzel-Transfektionen von G-GBR2cc und V-GBR1cc, etwa 100 mal mehr GFP-positive Zellen detektiert werden.

Fig. 11 zeigt ein Ablaufschema des Cre-Rekombinase abhängigen Zwei-Hybrid Systems zur Detektion induzierter und transienter Protein-Protein Interaktionen. Im Falle einer stimulus-abhängigen Interaktion von GX und VY, die durch die Proteindomänen X und Y vermittelt wird, kommt es zur funktionellen Rekonstituierung eines Transkriptionsfaktors, der die Gal4-abhängige Expression der Cre-Rekombinase induziert. Der Stimulus ist durch das Explosionssymbol dargestellt. Die stimulations-abhängige Modifikation des Proteinabschnittes X ist durch ein P gekennzeichnet. Nach Aufhebung der zellulären Veränderung (dargestellt durch das X über dem Explosionssymbol) kommt es zur Aufhebung der Modifikation und zu einer Aufhebung der Protein-Interaktion. Die Aktivität des kern-lokalisierten Cre Proteins führt zur Entfernung des transkriptionellen Inaktivierungselements (STOP) und zur dauerhaften Aktivierung nachgeschalteter Reportergene. Die Aktivität des Cre Proteins kann vorübergehend sein und muss nur einmal einen bestimmten Schwellenwert erreichen.

Fig. 12 zeigt die Resultate der FACS-Analyse drei Tage nach Transfektion der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 mit einer Vektorkontrolle, G-CREB, V-CBP/KIX und G-CREB mit V-CBP/KIX, mit und ohne Forskolin-Stimulation. Dargestellt ist die kummulierte GFP-Fluoreszenz (oben) und die relative Zahl der GFP-positiven Zellen (unten) ohne Forskolin-Stimulation (umrandete Säulen) und nach vorübergehender Forskolin-Stimulation (schwarze Säulen). Nach Ko-Transfektion der Interaktionspartner, G-CREB mit V-CBP/KIX, kommt es nach Forskolin-Stimulation zu einer etwa 12fach erhöhten Zahl der detektierten GFP-positiven Zellen, die Zunahme der gesamten Fluoreszenz der GFP-positiven Zellen liegt zwanzigfach über der unstimulierten Kontrolle. Die Transfektion mit V-CBP-KIX zeigt nahezu keinen Hintergrund, während die Transfektion mit dem G-CREB Konstrukt sowohl in dem unstimulierten als auch in dem Forskolin-stimulierten Ansatz GFP Hintergrund aufweist. Der ebenfalls starke Anstieg der GFP-Fluoreszenz nach Forskolin Stimulation reflektiert vermutlich die Interaktion mit endogen vorhandenen CBP-ähnlichen transkriptionellen Ko-Faktoren.

Fig. 13 zeigt die schematische Darstellung der verwendeten Plasmid-Konstrukte für das Cre-Rekombinase gekoppelte Zwei-Schalter System in Säugerzellen. Durch SS wird die Signalsequenz bezeichnet, TAG steht für die extrazelluläre Domäne die

spezifische Epitope einschließt, TM steht für die PDGF-alpha-Rezeptor Transmembrandomäne. Im einzelnen sind die Konstrukte näher beschrieben:

- ≥ das als Renin bezeichnete Konstrukt exprimiert die humane Renin-Protease unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters.
- 5 ≥ das als TEV bezeichnete Konstrukt exprimiert die Nla-Protease des Tobacco Etch Virus (TEV-Protease) unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters.
- 10 ≥ das als TM/TEV bezeichnete Konstrukt exprimiert eine Transmembran-gebundene Form der TEV-Protease des Tobacco Etch Virus unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters.
- 15 ≥ das als TM/S/TEV bezeichnete Konstrukt exprimiert eine Transmembran-gebundene Form der TEV-Protease des Tobacco Etch Virus unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters, wobei die TEV-Protease durch einen Peptidabschnitt (S steht für Spacer) von der Transmembrandomäne getrennt ist.
- 20 ≥ das als TM/GV bezeichnete Konstrukt exprimiert eine Transmembran-gebundene inaktive Form des Transkriptionsaktivators GV unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters.
- 25 ≥ das als TM/ren/GV bezeichnete Konstrukt exprimiert eine Transmembran-gebundene inaktive Form des Transkriptionsaktivators GV unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters, wobei der Transkriptionsaktivators GV durch einen Peptidabschnitt ren von der Transmembrandomäne getrennt ist. ren stellt eine für die humane Renin-Protease spezifische Erkennungs- und Spaltsequenz dar.
- 30 ≥ das als TM/tev/GV bezeichnete Konstrukt exprimiert eine Transmembran-gebundene inaktive Form des Transkriptionsaktivators GV unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters, wobei der Transkriptionsaktivators GV durch einen Peptidabschnitt tev von der Transmembrandomäne getrennt ist. tev stellt eine für die TEV-Protease spezifische Erkennungs- und Spaltsequenz dar.
- ≥ das als TM/Cre bezeichnete Konstrukt exprimiert eine Transmembran-gebundene inaktive Form der Cre-Rekombinase unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters.

- 5 ≥ das als TM/ren/Cre bezeichnete Konstrukt exprimiert eine Transmembran-
gebundene inaktive Form der Cre-Rekombinase unter der Kontrolle des
humanen CMV-Promoters, wobei die Cre-Rekombinase durch einen
Peptidabschnitt ren von der Transmembrandomäne getrennt ist. ren stellt
eine für die humane Renin-Protease spezifische Erkennungs- und
Spaltsequenz dar.
- 10 ≥ das als TM/tev/Cre bezeichnete Konstrukt exprimiert eine Transmembran-
gebundene inaktive Form der Cre-Rekombinase unter der Kontrolle des
humanen CMV-Promoters, wobei die Cre-Rekombinase durch einen
Peptidabschnitt tev von der Transmembrandomäne getrennt ist. tev stellt
eine für die TEV-Protease spezifische Erkennungs- und Spaltsequenz dar.
- 15 ≥ das als TM/EYFP bezeichnete Konstrukt exprimiert eine Transmembran-
gebundene Form des Enhanced Yellow Fluorescent Protein (EYFP) mit C-
terminalen Kern-Lokalisations-Signalen (NLS) unter der Kontrolle des
humanen CMV-Promoters.
- 20 ≥ das als TM/ren/EYFP bezeichnete Konstrukt exprimiert eine
Transmembran-gebundene Form des Enhanced Yellow Fluorescent Protein
(EYFP) mit C-terminalen Kern-Lokalisations-Signalen (NLS) unter der
Kontrolle des humanen CMV-Promoters, wobei das EYFP-NLS Protein
durch einen Peptidabschnitt ren von der Transmembrandomäne getrennt ist.
ren stellt eine für die humane Renin-Protease spezifische Erkennungs- und
Spaltsequenz dar.
- 25 ≥ das als TM/tev/EYFP bezeichnete Konstrukt exprimiert eine
Transmembran-gebundene Form des Enhanced Yellow Fluorescent Protein
(EYFP) mit C-terminalen Kern-Lokalisations-Signalen (NLS) unter der
Kontrolle des humanen CMV-Promoters, wobei das EYFP-NLS Protein
durch einen Peptidabschnitt tev von der Transmembrandomäne getrennt ist.
ren stellt eine für die humane Renin-Protease spezifische Erkennungs- und
Spaltsequenz dar.
- 30

Fig. 14 zeigt ein Ablaufschema des TEV Protease-abhängigen molekularen Schalters zur Aktivierung eines membran-gebundenen Transkriptionsfaktors und der nachfolgenden Aktivierung eines Reporters oder Reportersystems. Bei Koexpression der TEV Protease mit einem transmembran-gebundenen

Transkriptionsfaktor (GV), der N-terminal eine TEV-Protease spezifische Erkennungs- und Schnittstelle (tev) hat, kommt es zur Spaltung und anschließenden Translokalisierung des Transkriptionsfaktors GV in den Zellkern. GV abhängige Reportergene oder Reportersysteme werden aktiviert.

Fig. 15 zeigt die quantitative Auswertung der FACS-Analyse zwei Tage nach Transfektion der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 mit einem Kontrollvektor (Control), GV, TM/Tev, tevGV und TM/Tev zusammen mit tev/GV. Gezeigt ist die relative Anzahl GFP-positiver Zellen im Vergleich zur Transfektion mit dem löslichen Transkriptionsfaktor GV. Die Zahl der detektierten Zellen nach Einzel-Transfektion mit dem Leervektor, mit der transmembran-gebundenen TEV oder dem transmembran-gebundenen GV liegt unter 1%. Nach Ko-Transfektion der transmembran-gebundenen TEV mit dem transmembran-gebundenen Transkriptionsfaktor GV können im Vergleich zur Transfektion unter Vergleichsbedingungen mit dem löslichen GV durchschnittlich die Hälfte an GFP-positiven Zellen detektiert werden.

Fig. 16 zeigt die schematische Darstellung der verwendeten Plasmid-Konstrukte für die Protein-Interaktions gekoppelte Trans-Komplementation von Fragmenten der TEV-Protease in Säugerzellen, wobei im einzelnen

- ≥ das als NterTEV bezeichnete Konstrukt ein N-terminales Fragment der TEV-Protease des Tobacco Etch Virus unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters exprimiert.
- ≥ das als CterTEV bezeichnete Konstrukt ein N-terminales Fragment der TEV-Protease des Tobacco Etch Virus unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters exprimiert.
- ≥ das als NterTEV-X bezeichnete Konstrukt ein N-terminales Fragment der TEV-Protease des Tobacco Etch Virus als Fusionsprotein mit dem N-terminus eines Protein X unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters exprimiert.
- ≥ das als CterTEV-Y bezeichnete Konstrukt ein C-terminales Fragment der TEV-Protease des Tobacco Etch Virus als Fusionsprotein mit dem N-terminus eines Protein Y unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters exprimiert.

- ≥ das als X-NterTEV bezeichnete Konstrukt ein N-terminales Fragment der TEV-Protease des Tobacco Etch Virus als Fusionsprotein mit dem C-terminus eines Protein X unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters exprimiert.
- ≥ das als Y-CterTEV bezeichnete Konstrukt ein C-terminales Fragment der TEV-Protease des Tobacco Etch Virus als Fusionsprotein mit dem C-terminus eines Protein Y unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters exprimiert.

Fig. 17 zeigt ein Ablaufschema des Protease-abhängigen molekularen Schalters zur Aktivierung eines membran-gebundenen Transkriptionsfaktors nach Protein-Interaktions gekoppelter funktioneller Rekonstituierung von TEV-Protease Fragmenten. Nach Ko-Expression von Plasmiden, die zum einen für ein N-terminales TEV Fragment - Protein X-Fusionsprotein und für ein C-terminales TEV Fragment-Protein Y- Fusionsprotein kodieren, kommt es im Falle der spezifischen Interaktion der Proteine oder Proteinabschnitte X und Y, zur funktionellen Rekonstituierung der proteolytischen Aktivität. Daraufhin wird ein stabil exprimierter oder transient ko-transfizierter membran-gebundener und eine TEV-spezifischen Erkennungs- und Spaltsequenz (tev) enthaltender Transkriptionsfaktor (GV) von der Membran gelöst. Es kommt zu einer Translokalisierung von GV in den Kern und zur Aktivierung eines Reportergens oder Reportersystems.

Fig. 18 zeigt die quantitative Auswertung der FACS-Analyse zwei Tage nach Transfektion der stabilen PC12 Zelllinie #20.4 mit einem Expressionsvektor, der kodiert für den membran-gebundenen Transkriptionsfaktor GV mit einer N-terminalen TEV-spezifischen Erkennungs- und Spaltsequenz (TM-tev-GV). Gezeigt ist die kummulierte Fluoreszenz relativ zu der Aktivität der membran-gebundenen TEV-Protease in %. Ko-transfiziert mit TMtevGV wurden Expressionsvektoren, die kodieren für:

- Kontrolle: membran-gebundene TEV (TM-TEV),
- eine membran-gebundene GBR1cc-Domäne fusioniert an ein C-terminales Fragment der TEV-Protease, von Aminosäure 71-243 (GBR1cc-CterTEV-71-243)
- eine membran-gebundene GBR2cc-Domäne fusioniert an ein N-terminales Fragment der TEV-Protease, von Aminosäure 1-70 (GBR2cc-CterTEV-1-70) und

- eine membran-gebundene GBR1cc-Domäne fusioniert an ein C-terminales Fragment der TEV-Protease, von Aminosäure 71-243 (GBR1cc-CterTEV-71-243) zusammen mit einer membran-gebundenem GBR2cc-Domäne fusioniert an ein N-terminales Fragment der TEV-Protease, von Aminosäure 1-70 (GBR2cc-CterTEV-1-70).

Nach Ko-Transfektion der TEV-Fragmente als Fusionsproteine der Interaktionsdomänen GBR2cc und GBR1cc wird etwa 30 % der Aktivität der membran ständigen TEV-Protease erreicht.

Fig. 19 zeigt die schematische Darstellung der verwendeten Plasmid-Konstrukte für das Protease gekoppelte Endlos-Schalter System, wobei im einzelnen

- ≥ das als TtevEV bezeichnete Konstrukt eine inaktive TEV-Protease unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters darstellt. Durch Insertion einer Peptidsequenz, die mindestens eine TEV-spezifische Erkennungs- und Spaltsequenz enthält, ist diese modifizierte TEV-Protease inaktiv. Nach spezifischer proteolytischer Spaltung durch eine aktive TEV-Protease wird die modifizierte TEV-Protease TtevEV aktiviert.
- ≥ das als EYtevFP bezeichnete Konstrukt ein inaktives, nicht-fluoreszierendes Enhanced Green Fluorescent Protein (EYFP) unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters darstellt. Durch Insertion einer Peptidsequenz, die mindestens eine TEV-spezifische Erkennungs- und Spaltsequenz enthält, ist dieses modifizierte EYFP inaktiv. Nach spezifischer proteolytischer Spaltung durch eine aktive TEV-Protease wird das modifizierte EYtevFP aktiviert.

Fig. 20 zeigt ein Ablaufschema des Protease-abhängigen molekularen Schalters zur Aktivierung einer proteolytisch aktivierbaren nicht-fluoreszenten EYFP-Variante nach Protein-Interaktions gekoppelter funktioneller Rekonstituierung von TEV-Protease Fragmenten. Nach Ko-Expression von Plasmiden, die zum einen für ein N-terminales TEV Fragment - Protein X-Fusionsprotein und für ein C-terminales TEV Fragment-Protein Y- Fusionsprotein kodieren, kommt es im Falle der spezifischen Interaktion der Proteine oder Proteinabschnitte X und Y, zur funktionellen Rekonstituierung der proteolytischen Aktivität. Daraufhin wird ein stabil exprimiertes oder transient ko-transfiziertes inaktives, proteolytisch-

aktivierbares Reporterprotein, wie z.B. ein entsprechend modifiziertes EYFP (EY-tev-FP) spezifisch proteolytisch gespalten und aktiviert.

Fig. 21 zeigt ein Ablaufschema des Protease-abhängigen molekularen Endlos-Schalters zur Aktivierung einer proteolytisch aktivierbaren, inaktiven TEV-Protease und einer proteolytisch aktivierbaren, nicht-fluoreszenten GFP-Variante nach Protein-Interaktions gekoppelter funktioneller Rekonstituierung von TEV-Protease Fragmenten. Nach Ko-Expression von Plasmiden, die zum einen für ein N-terminales TEV Fragment - Protein X-Fusionsprotein und für ein C-terminales TEV Fragment-Protein Y- Fusionsprotein kodieren, kommt es im Falle der spezifischen Interaktion der Proteine oder Proteinabschnitte X und Y, zur funktionellen Rekonstituierung der proteolytischen Aktivität. Daraufhin wird eine stabil exprimierte oder transient ko-transfizierte inaktive, proteolytisch-aktivierbare TEV-Protease (TevEV) spezifisch proteolytisch gespalten und dauerhaft aktiviert. In der Folge wird ein stabil exprimiertes oder transient ko-transfiziertes inaktives, proteolytisch-aktivierbares Reporterprotein, wie z.B. ein entsprechend modifiziertes EYFP (EY-tev-FP) spezifisch proteolytisch gespalten und aktiviert. Die dauerhafte Aktivierung der konstitutiv exprimierten proteolytisch-aktivierbaren Funktionselemente führt zu einer molekularen Endlos-Schleife.

Fig. 22 zeigt die schematische Darstellung der verwendeten Plasmid-Konstrukte für das Protease gekoppelte Reverse-Schalter System, wobei im einzelnen

- ≥ das als TEVInh bezeichnete Konstrukt einen Protein- oder Peptidinhibitor der TEV-Protease des Tobacco Etch Virus unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters exprimiert.
- ≥ das als TEV-X bezeichnete Konstrukt ein Fusionsprotein der intakten TEV-Protease des Tobacco Etch Virus und ein Protein X unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters exprimiert. Das Protein X ist mit dem C-terminus der TEV-Protease fusioniert.
- ≥ das als TEVInh-Y bezeichnete Konstrukt ein Fusionsprotein eines TEV-Inhibitors und ein Protein Y unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters exprimiert. Das Protein Y ist mit dem C-terminus des TEV-Inhibitors fusioniert.

≥ das als X-TEV bezeichnete Konstrukt ein Fusionsprotein der intakten TEV-Protease des Tobacco Etch Virus und ein Protein X unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters exprimiert. Das Protein X ist mit dem N-terminus der TEV-Protease fusioniert.

5 ≥ das als Y-TEVInh bezeichnete Konstrukt ein Fusionsprotein eines TEV-Inhibitors und ein Protein Y unter der Kontrolle des humanen CMV-Promoters exprimiert. Das Protein Y ist mit dem N-terminus des TEV-Inhibitors fusioniert.

10 Fig. 23 zeigt ein Ablaufschema des reversen Schalter Systems nach induzierter Dissoziation der bekannten Interaktion von ProteinX fusioniert mit einem TEV-Inhibitor und ProteinY fusioniert mit der intakten TEV-Protease, gekoppelt an das Zwei-Schalter System. Durch die Protein X und Protein Y vermittelte Interaktion des TEV-Inhibitors mit der intakten TEV-Protease kommt es zu einer Inaktivierung der TEV-Protease. Nach induzierter Aufhebung der Interaktion, dargestellt durch das Explosionssymbol, kommt es zur Aktivierung der TEV-Protease. Als nachgeschaltetes Reportersystem ist hier das Zwei-Schalter System (siehe Fig. 14) dargestellt.

20 Fig. 24 zeigt die schematische Darstellung der verwendeten Plasmid-Konstrukte für das durch Proteaseexpression rückgekoppelte System zur Endlos-Aktivierung, wobei im einzelnen

≥ das als G5-TEV bezeichnete Konstrukte die TEV-Protease unter der Kontrolle eines Minimal-Promoters, der E1B-TATA Box, und fünf aufeinander folgenden Gal4-abhängigen Enhancer-Elementen aus der Hefe (Upstream Activating Sequence, UAS) exprimiert.

25 ≥ das als G5C-TEV bezeichnete Konstrukt die TEV-Protease unter der Kontrolle des humanen CMV-Minimal-Promoters und fünf aufeinander folgenden Gal4-abhängigen Enhancer-Elementen aus der Hefe (Upstream Activating Sequence, UAS) exprimiert.

30 Fig. 25 zeigt ein Ablaufschema des durch Protein-Interaktions regulierte Proteaseexpression rückgekoppelte System zur Endlos-Aktivierung. Nach Ko-

Expression von Plasmiden, die zum einen für ein N-terminales TEV Fragment - Protein X-Fusionsprotein und für ein C-terminales TEV Fragment-Protein Y-Fusionsprotein kodieren, kommt es im Falle der spezifischen Interaktion der Proteine oder Proteinabschnitte X und Y, zur funktionellen Rekonstituierung der proteolytischen Aktivität. Daraufhin wird ein stabil exprimierter oder transient ko-transfizierter membran-gebundener und eine TEV-spezifischen Erkennungs- und Spaltsequenz (tev) enthaltender Transkriptionsfaktor (GV) von der Membran gelöst. Es kommt zu einer Translokalisierung von GV in den Kern und zur Aktivierung von zwei ko-regulierten oder unabhängigen Reportergen, von denen das eine die intakte TEV-Protease ist. Die GV-reguliert exprimierte TEV-Protease führt zu einer weiteren Spaltung des konstitutiv exprimierten TM-tev-GVs und führt zu einer dauerhaften Aktivierung des Gesamtreportersystems.

Die einzelnen Ausführungsformen des erfindungsgemäßen Verfahrens werden durch die folgenden Beispiele näher beschrieben.

Alle molekularen Klonierungen und Transfektionen wurden mit Standardprotokollen nach Sambrook et al durchgeführt (Sambrook-J and Russell-DW 2001).

Beispiel 1: Herstellung der Plasmidvektoren des Cre-Rekombinase basierten Reportersystems

Die funktionalen Elemente der Plasmidvektoren zur Durchführung des Cre-Rekombinase basierten Reportersystems und der Anwendung im Zwei-Hybrid System in Säugerzellen sind in Fig.1 schematisch dargestellt.

Konstruktion der Reporterplasmide: Das Plasmid G5-CAT trägt 5' des Chloramphenicol-Transferase (CAT) Reporter Gens die TATAA-Box des humanen E1B-Gens und fünf

aufeinanderfolgende Enhancerelemente (*Upstream Activating Sequence*, UAS) mit der optimalen Erkennungssequenz für den Gal4-Transkriptionsfaktor aus *saccharomyces cerevisiae*. Das G5-CAT Plasmid-DNA diente als Ausgangsvektor zur Herstellung der verwendeten G5-Reporter und wurde mit Kombinationen von Restriktionsenzymen so geschnitten, daß das CAT-Gen 5' und 3' aus dem Vektorgerüst entfernt werden konnte und die entsprechend vorbereiteten Reportergen-DNA-Fragmente eingesetzt werden konnten. Die Cre-Rekombinase des Bacteriophagen P1 (Cre) wurde dazu mit spezifischen Oligonukleotiden durch die Polymerase Ketten Reaktion (PCR) amplifiziert und 5' mit einem durch die Kozak-Sequenz flankierten Start-Codon modifiziert (Kozak 1989) (Kozak 1987). Zur Klonierung der Plasmidvektoren G5C-EGFP bzw. G5C-Cre dienten die Plasmide tetO-EGFP und tetO-Cre und G5-Cat als Gerüst. Die E1B-TATAA Box und der CAT-Reporter wurde entfernt und durch den humanen CytoMegalieVirus (CMV) minimal Promotor und das entsprechende Reportergen ersetzt.

Kodierende Bereiche der DNA-bindenden Domäne (DBD) des Hefe Transkriptionsfaktors Gal4 und der Transaktivierungsdomäne (TAD) des Herpes Simplex Proteins VP16 wurde mit PCR aus entsprechenden Hefe-Zwei-Hybrid Vektoren amplifiziert und in die eukaryontischen Expressionsvektoren pCMV kloniert. Die Oligonukleotide waren so gestaltet, daß 5' ein Restriktionsschnittstelle und ein Kozak-Sequenz flankiertes ATG eingeführt wurde und 3' das letzte Codon im Leserahmen mit einer weiteren eingeführten Restriktionsschnittstelle ohne Stop-Codon war. Im Vektor pCMV befinden sich 3' der multiplen Klonierungssequenzen (MCS) Stop-Codons der drei möglichen Leseraster, so daß die Vektoren pCMV-Gal4 DBD (G) und pCMV-VP16 TAD (V) (siehe Fig. 1) als Ausgangsvektoren für C-terminale Fusionen mit weiteren Proteinen oder Proteinabschnitten genutzt werden konnten. Der Vektor GV, der für ein Fusionsprotein der Gal4 DBD und der VP16 TAD kodiert, wurde ausgehend von dem Plasmidvektor pCMV-Gal4 und dem für die V16 TAD kodierenden PCR-Produkt unter Berücksichtigung eines durchgehenden Leserahmens hergestellt (siehe Fig. 1).

Die Cre-aktivierbaren CMV-STOP/REPORTER Konstrukte wurden durch sequentielle Klonierung in pCMV hergestellt. Zunächst wurden mit PCR die STOP-Kassetten generiert, wobei jeweils zwei gleichgerichtete loxP-sites (Erkennungs- und Rekombinationselemente der Cre-Rekombinase) 5' und 3' eines Neomycin-Resistenz und eines Zeocin-Resistenz vermittelndes Elementes (neoR und TKZeoR, siehe Fig. 1) eingebracht wurden. Anschließend wurde das entsprechende Cre-nachgeschaltete Reportergen 3' der STOP-Kassette inkloniert. EGFP und bGal wurde 3' der neoR STOP-Kassette eingeführt und ein

gegen BlasticidinS Resistenz vermittelndes Element 3' der TKZeoR STOP-Kassette. Die Funktionalität der STOP-REPORTER Kassetten wurde durch transiente Transfektionen in Cos7-Zellen analysiert. Dazu wurde diese zusammen mit einem Kontrollvektor oder mit einem CMV-Cre Plasmidvektor kotransfiziert, nur nach Kotransfektion mit CMV-Cre konnte die Aktivität der nachgeschalteten Reporter, EGFP, bGal und BlasR, beobachtet werden.

Beispiel 2: Funktionsanalyse der Komponenten des Cre-Rekombinase basierten Reportersystems durch transiente Transfektion in PC12 und Cos7 Zellen

Die Reporterplasmide oder Kombinationen von Reporterplasmiden wurden durch transiente Transfektionen in die PC12 und Cos7 Zelllinien getestet. Dazu wurden zwischen 10^5 und 10^6 PC12- oder Cos7-Zellen unter Verwendung eines GenePulser II mit Capacity Extender-Modul (BioRad, München) elektroporiert. Die Plasmid-DNA wurde mit dem Qiafilter-Verfahren (Qiagen, Hilden) aufgereinigt. Für jede Elektroporation wurden insgesamt immer 5 µg Plasmid-DNA eingesetzt, je nach Ansatz wurde mit Plasmid-DNA eines Leervektors aufgefüllt. Die Elektroporation wurde in speziellen Kuvetten (PeqLab) in dem entsprechenden Zell-Wachstumsmedium und mit den folgenden Parametern durchgeführt: Cos7 Zellen, 10^5 Zellen in 300µl pro Ansatz, Pulse mit 250 mV bei 500 µF; PC12 Zellen, 10^6 Zellen in 300µl pro Ansatz, Pulse mit 220 mV bei 960 µF. Nach der Elektroporation wurden die Zellen in 6 cm oder 24 Loch Zellkultur Schalen überführt und kultiviert. Die Analyse erfolgte üblicherweise 12-72 h nach der Transfektion, je nach verwendetem Reporter durch Fluoreszenzmikroskopie, FAC-Sorting (EGFP) oder durch colorimetrische Detektion mit X-Gal in fixierten Zellen (bGal). Die durchschnittliche Transfektionseffizienz bei Cos7 Zellen betrug etwa 40%, bei PC12 Zellen etwa 30%. Die DNA-Menge der Reporter-Plasmide G5-bGal, G5-EGFP, G5C-EGFP, CMV-STOP/EGFP und CMV-STOP/bGal betrug immer 1 µg pro Ansatz, die Mengen der Cre-Rekombinase Reporter, G5-Cre und G5C-Cre wurden variiert. Die Funktionalität der Reporter wurde durch Kotransfektion mit dem Expressionsplasmid des vollständigen Transkriptionsaktivators GV (1 µg pro Ansatz) getestet. Die Ergebnisse waren zwischen PC12 und Cos7 Zellen vergleichbar, mit etwas stärkeren Hintergrund aber insgesamt stärker Signalintensität in Cos7 im Vergleich zu PC12 Zellen.

Das hier verwendete Cre-basierte Reportersystem beruht auf der Gal4-abhängigen transkriptionellen Aktivierung eines Cre-Reporterplasmids. Daraufhin kann das exprimierte Cre-Protein das Ausschneiden einer transkriptionellen STOP-Kassette, die von

gleichgerichteten Cre-Erkennungs- und Rekombinationssequenzen (loxP-sites) flankiert ist, katalysieren. Das aktivierte Reportergen steht jetzt unter der Kontrolle des konstitutiven und in den meisten Zelllinien sehr starken humanen CMV-Promotors, was zu einer enormen Verstärkung des Signals führt.

5 Nach Kotransfektion von GV mit dem G5-bGal Reporter konnte bereits nach 12 h eine X-Gal-Färbung in einer Vielzahl von Zellen nachgewiesen werden. Nach Kotransfektion von GV mit dem G5-EGFP Reporter konnte nur in Cos7-Zellen eine GFP-Fluoreszenz nach 72 h in einer geringen Anzahl von Zellen nachgewiesen werden. Die Transfektionen der G5-bGal- bzw. G5-EGFP-Reporter zeigte keine Hintergrundaktivität. Nach Kotransfektion des
10 G5C-EGFP Reporterplasmids mit GV konnte bereits nach 48 h eine deutlich erhöhte Zahl an GFP positiven Zellen im Vergleich zur Kontroll-Transfektion ohne GV detektiert werden. Einige GFP-positive Zellen konnten allerdings auch in der Kontroll-Transfektion detektiert werden. Die Transfektion von GV zusammen mit CMV-STOP/EGFP oder CMV-STOP/bGal zeigte keinen Hintergrund. Die Kotransfektion von je 1 µg G5-Cre und
15 CMV-STOP/EGFP zeigte eine sehr hohe Zahl an GFP-positiven Zellen nach 48 h. Bereits nach 12 h waren die ersten GFP-Signale zu detektieren. Das beste Verhältnis von GV-induziertem Signal zum Hintergrund ergab sich durch Transfektion von 50 ng G5-Cre mit je 1 µg CMV-STOP/EGFP oder CMV-STOP/bGal und GV. Durch die erhöhte basale Promotor-Aktivität des G5C-Cre Konstruktes war es nicht möglich den Hintergrund durch
20 geringere eingesetzte Mengen so zu reduzieren wie für G5-Cre.

Die Auswertung der transienten Transfektionen zur Analyse der Komponenten des Cre-basierten Reportersystems zeigte folgendes:

25 1) Das Reportersystem zeichnet sich durch eine sehr hohe Sensitivität aus. 2) Aufgrund der hohen Sensitivität ist es nicht möglich in transienten Transfektionen den Hintergrund der Komponenten des Systems vollständig zu beseitigen. 3) Durch die Verwendung der Cre-Rekombinase ist es möglich EGFP als Cre-nachgeschalteten Reporter mit einer bGal-vergleichbaren Sensitivität und Kinetik einzusetzen. 4) Auch bei Verwendung eines relativ starken basalen minimal Promotors (CMVmin) ist EGFP als Reporter weniger sensitiv als bGal.

30

Beispiel 3: Anwendung des Cre-Rekombinase basierten Reportersystems nach transienter Transfektion in PC12 und Cos7 Zellen als Zwei-Hybrid System zur
35 **Analyse konstitutiver Protein-Interaktionen**

Die Anwendung des Cre-Rekombinase basierten Reportersystem im Zwei-Hybrid System in Säugerzellen wurde durch die Analyse bekannter Interaktionspartner getestet (siehe Fig. 2, Ablaufschema des Cre-Rekombinase abhängigen Zwei-Hybrid Systems). Die meisten basischen Helix-Loop-Helix (bHLH) Proteine bilden heterodimere Komplexe aus. Die Interaktion wird über zwei amphipatische Helices vermittelt, die ein charakteristisches Vier-Helix-Bündel ausbilden (Ma, Rould et al. 1994) (Baxeavanis and Vinson 1993). Die Interaktion zwischen den bHLH-Proteinen ME2 und Nex bzw. NeuroD diente als ein Testsystem. Dazu wurde die bHLH-Domäne von ME2 mit PCR amplifiziert und als Fusionsprotein mit der Gal4-DBD exprimiert (G-ME2bHLH). Volllänge-NEX bzw. -NeuroD wurden als Fusionsproteine mit der VP16 TAD exprimiert (V-ND bzw. V-Nex).

Ein weiteres bekanntes Motiv, das spezifische Protein-Protein Interaktionen vermittelt, ist das Leuzin-Zipper motif in coiled-coil (cc) Domänen (Lupas 1996). Als weiteres Testsystem wurden Teile der intrazellulären Abschnitte von GBR1 und GBR2 genutzt, die jeweils eine cc-Domäne enthalten und darüber Heterodimere bilden (Kuner, Kohr et al. 1999). GBR1cc (L859 – K960) und GBR2cc (I744 – G849) wurde mit spezifischen Oligonukleotiden mittels PCR amplifiziert und kloniert. GBR1cc wurde an den C-terminus von VP16 fusioniert (V-GBR1cc), GBR2cc an den C-terminus von Gal4 (G-GBR2cc). Als Negativkontrolle wurden Deletionsmutanten der genannten Proteindomänen verwendet GBR1 (L859 – K960 Δ S887-L921) und GBR2 (I744 – G849 Δ S785-Q816) (V-GBR1ccDel und G-GBR2ccDel), für diese Mutanten war zuvor durch Immunpräzipitation und mittels Hefe-Zwei-Hybrid Technik gezeigt worden, daß sie nicht interagieren.

Sowohl für die Interaktionspartner G-ME2bHLH und V-NEX bzw. V-ND als auch für G-GBR2cc und V-GBR1cc konnte mit dem Cre-Reportersystem und GFP-Fluoreszenz als Maß in PC12 und Cos7-Zellen eine Interaktion nachgewiesen werden. Die Kontrollen, Einzeltransfektionen und die coiled-coil Deletionskonstrukte (V-GBR1ccDel und G-GBR2ccDel), zeigten ein kein bzw. wesentlich schwächere Signale. Die relative Stärke der Interaktionen ergab sich aus den Experimenten als folgende: GBR2cc/V-GBR1cc >> G-ME2bHLH/V-ND >> G-ME2bHLH/V-NEX. Die Ergebnisse konnten mit bGal als Zwei-Hybrid Reporter bestätigt werden.

Beispiel 4: Herstellung von stabilen PC12- und Cos7 Zelllinien mit den Komponenten des Cre-Reportersystems

Die Ergebnisse aus den Versuchen des Cre-Rekombinase basierten Zwei-Hybrid Systems nach transienter Transfektion in Säugerzellen zeigten auf, daß 1) die Sensitivität des Systems auch bei Verwendung eines Cre-nachgeschalteten EGFP vergleichbar war mit einem beta-Galaktosidase Reporter und daß 2) aufgrund der erhöhten Sensitivität und des Schaltermechanismus der Cre-Aktivität der Hintergrund nicht vollständig zu reduzieren war. Um den Hintergrund des Systems kontrollieren zu können, wurde zunächst eine Komponente des Tetrazyklin abhängigen Genregulationssystem stabil in PC12- und Cos7-Zellen eingebracht, mit der eine Feinregulation der Expression der Interaktionspartner möglich ist (Gossen, Freundlieb et al. 1995). Dazu wurde ein DNA-Fragment, das für den tet-abhängigen TransAktivator (tTA) unter der Kontrolle des CMV-Promotors kodiert, mit einem gegen das Aminoglykosid G418 Resistenz vermittelnden linearisierten DNA-Element, neoR, kotransfiziert. Drei Tage nach Transfektion wurde mit G418-Selektion (400 µg/ml) begonnen und nach 3-4 Wochen konnten Zellklone identifiziert und isoliert werden. Diese wurden durch Kotransfektion mit einem tTA-abhängigen Reporter (tetO-EGFP) unabhängig nach funktioneller tTA-Expression analysiert. Jeweils ein PC12- bzw. Cos7-Zellklon mit Tetrazyklin-abhängiger Regulation des GFP-Reporters wurde für die weiteren Schritte verwendet.

Im nächsten Schritt wurden die G5-Cre oder G5C-Cre DNA-Fragmente mit einem gegen HygromycinB Resistenz-vermittelnden Fragment kotransfiziert. Vier Wochen nach HygromycinB-Selektion (60 µg/ml) wurden Zellklone isoliert und nach GV-abhängiger Cre-Aktivität analysiert. Dazu wurden die Cos7- bzw. PC12-Zellklone jeweils mit CMV-STOP/EGFP transfiziert und mit CMV-STOP/EGFP und GV kotransfiziert und nach GV/Cre abhängiger Induktion der GFP-Fluoreszenz analysiert. Alle Cos7- und die meisten der PC12-Zellklone, die durch GV eine Erhöhung der Cre-Aktivität aufweisen konnten, zeigten ebenfalls eine gewisse Cre-Hintergrund Aktivität. PC12-Zellklon #20 zeigte absolut keine konstitutive Cre-Expression, d.h. nach Transfektion mit CMV-STOP/EGFP konnte keine GFP-positive Zelle detektiert werden (siehe Fig. 3, unten links). Nach Kotransfektion von CMV-STOP/EGFP und GV wurden dahingegen eine Vielzahl GFP-positiver Zellen nachgewiesen (siehe Fig. 3, oben links).

PC12-Zellen sind eine etablierte Kulturzelllinie eines Pheochromozytoms einer Ratte und stammen damit von sympato-adrenergem Gewebe des Nebennierenmarks ab (Greene and Tischler 1976). Diese Zellen sind mit *nerve growth factor* (NGF) stimulierbar, und differenzieren NGF-abhängig zu einem Neuron-verwandten Zelltyp, der postmitotisch ist und neuronale Fortsätze ausbildet. Um das Cre-basierte Reportersystem unter diesen postmitotischen Bedingungen zu testen, wurden GV-transfizierte PC12-Zellen der Linie #20 unmittelbar nach Transfektion mit NGF-stimuliert (2,5 S NGF, 5 ng/ml, Promega) und

drei Tage nach GV-induzierter GFP-Fluoreszenz analysiert (siehe Fig. 4). Die Effizienz des Cre-Reportersystems (niedrigere Vergrößerung Fig. 4 oben) wurde nicht durch die NGF induzierter Differenzierung beeinflusst (niedrigere Vergrößerung Fig. 4 oben). Die neuronale Morphologie der Zellen wurde durch das Cre-Reportersystem nicht beeinträchtigt (niedrigere Vergrößerung Fig. 4 oben). Zusammengefasst zeigen diese Resultate, daß das Cre-Reportersystem hintergrundfrei in stabilen PC12-Zellklonen funktioniert, auch unter postmitotischen Bedingungen.

Um alle notwendigen Komponenten des Cre-basierten Reportersystems stabil zu exprimieren wurden PC12-Zellen der Linie #20 mit den linearisierten Plasmidkonstrukten CMV-STOP/EGFP (STOP = neoR) und CMV-STOP/BlaS (STOP = TKZeoR) kotransfiziert und mit Zeocin (500 µg/ml, Invitrogen) selektioniert. GFP-negative und BlasticidinS-sensitive Zellklone wurden durch Transfektion mit GV analysiert. GFP-positive Zellen des Zellklons #20.4 konnten zwei Tage nach GV Transfektion nachgewiesen werden (siehe Fig. 5). Drei bis vier Wochen nach GV Transfektion und BlasticidinS-Selektion (2 µg/ml, Calbiochem) konnten resistente Zellklone identifiziert werden, wobei alle Zellen dieser Klone GFP-positiv waren (siehe Fig. 6). Zusammengefasst zeigen diese Versuche, daß der Zellklon 20.4 alle Komponenten des Cre-basierten Reportersystems stabil integriert hat und funktional exprimiert.

Beispiel 5: Anwendung des Zwei-Hybrid Systems in der PC12 Zelllinie 20.4 zur Analyse konstitutiver Protein-Interaktionen

Wie in Beispiel 4 beschrieben, exprimiert die PC12 Zelllinie 20.4 alle Komponenten des Cre-basierten Reportersystems vollständig funktional. Um zu testen, ob die Zelllinie 20.4 für die Anwendung im Zwei-Hybrid System (siehe Fig. 2) genutzt werden kann, wurden die in Beispiel 3 beschriebenen bekannten Interaktionspartner analysiert. Zwei Tage nach Kotransfektion der Interaktionspartner G-ME2bHLH und V-ND konnten keine GFP-positiven Zellen detektiert werden (siehe Fig. 7, unten links). Nach Einzeltransfektionen von G-ME2bHLH bzw. V-ND konnten ebenfalls keine GFP-positiven Zellen nachgewiesen werden (siehe Fig. 7, mittlere Abbildungen links). Die Kontrolle nach Transfektion mit GV zeigte die erwartete hohe Zahl an GFP-positiven Zellen (siehe Fig. 7, oben links). Dieses Ergebnis, zusammen mit der Beobachtung der vollständigen Abwesenheit konstitutiven Hintergrunds in Bezug auf uninduzierte Cre Expression, ließen vermuten, daß zumindest der Gal4-abhängige Cre-Reporter in einen Bereich des

Heterochromatins integriert war und somit nur durch sehr starken Transkriptivoren wie GV zugänglich war. Deshalb wurden im folgenden Versuch die gleiche Zwei-Hybrid Analyse nach vorübergehender Zugabe von Trichostatin A (3 μ M, für 12 h, Sigma) durchgeführt (Fig. 8). TSA wirkt als Inhibitor von Deacetylasen, die Hemmung der Deacetylierung führt zu einem insgesamt weniger dicht verpackten, transkriptionell inaktiven Heterochromatin-Abschnitten. Nach vorübergehender Zugabe von TSA ins Kultivierungsmedium der PC12 20.4 Zellen konnten nunmehr zwei Tage nach Transfektion der Interaktionspartner G-ME2bHLH und V-ND eine Vielzahl GFP-positiver Zellen detektiert werden (siehe Fig. 8, unten links). Nach Einzeltransfektionen von G-ME2bHLH bzw. V-ND konnten keine GFP-positiven Zellen nachgewiesen werden (siehe Fig. 8, mittlere Abbildungen links). Die Kontrolle nach Transfektion mit GV zeigte die erwartete hohe Zahl an GFP-positiven Zellen (siehe Fig. 8, oben links). Die relativ hohe Konzentration von 3 μ M TSA für die Dauer von 12h führte allerdings auch zu einer geringeren Zahl an überlebenden Zellen (vgl. Fig. 7 und Fig. 8, rechte Spalte). Die TSA-Konzentration mit dem besten Verhältnis aus Zellüberleben und nahezu Hintergrund freier Detektion der Interaktion von G-ME2bHLH und V-ND war 300 μ M für 12h. Für die etwas stärkere Interaktion von GBR2cc und V-GBR1cc (siehe Beispiel 3) wurden die Versuche mit TSA-Konzentration von 200 μ M TSA für 12 h durchgeführt (siehe Fig. 9). Nur nach Kotransfektion der Interaktionspartner GBR2cc und V-GBR1cc konnte eine Vielzahl an GFP-positiven Zellen detektiert werden, nach Einzeltransfektionen und nach Kotransfektion der cc-Deletionsmutanten, GBR2ccDel und V-GBR1ccDel, konnten mikroskopisch keine GFP-positiven Zellen nachgewiesen werden (siehe Fig. 9, untere Leiste). Die Analyse durch Fluorescent Activated Cell Sorting (FACS) konnte diese Ergebnisse bestätigen (siehe Fig. 10).

Zusammengenommen zeigen diese Ergebnisse, daß eine Zwei-Hybrid Analyse in den PC12 Zellen der Linie 20.4 durchführbar ist und daß die Sensitivität bzw. der Hintergrund durch die Zugabe von TSA gesteuert werden kann.

Beispiel 6: Anwendung des Cre-Rekombinase basierten Reportersystems als Zwei-Hybrid System zur Analyse induzierter und transientser Interaktionen

Dieses Beispiel beschreibt die Nutzung des Cre-Rekombinase basierten Reportersystems im Zwei-Hybrid Ansatz zum Nachweis einer stimulus-induzierten und transienten

Interaktion *in vivo*. Wie in Fig. 11 schematisch dargestellt, reicht die vorübergehende Aktivierung des Cre-Reporters um über die Funktion der kernlokalisierten Cre-Rekombinase eine dauerhafte Aktivierung nachgeschalteter Reporter zu gewährleisten.

Ein gut charakterisiertes Beispiel für eine induzierte Protein-Protein Interaktion ist die phosphorylierungs-abhängige Bindung des Transkriptionsaktivators CREB an den Transkriptions Ko-Aktivator CBP (*CREB Binding Protein*) (Chrivia, Kwok et al. 1993). Zum Beispiel führt Protein Kinase A (PKA) vermittelte Phosphorylierung von CREB an Ser133, in der sogenannten *kinase-inducible-domain* (KID), zur spezifischen Bindung an die sogenannte KIX-Domäne von CBP. Die Stimulation der PKA kann durch Zugabe der Adenylat-Zyklase stimulierenden Substanz Forskolin erreicht werden, was zu einer transienten Erhöhung des intrazellulären cAMP-Spiegels und damit zur PKA Aktivierung führt. Nach Aufhebung der PKA-Stimulation durch entfernen des Forskolins aus dem Kultur-Medium von Zellen kommt es über zell-endogen aktive Phosphatasen zur schnellen Dephosphorylierung von CREB-Ser133. Zur Analyse im Zwei-Hybrid System in den PC12 20.4 Zellen, wurde CREB C-terminal an die Gal4 DBD fusioniert (G-CREB) und die CBP-KIX Domäne an den C-terminus der VP16 TAD (V-CBP-KIX).

Drei Tage nach Transfektion von PC12 20.4 Zellen mit G-CREB und V-CBP-KIX und den entsprechenden Kontrollen, wurde der Nachweis der Interaktionen durch FACS analysiert. Ohne Forskolin Stimulation führten weder die Einzel- noch Kotransfektion der Konstrukte zu einer signifikanten Aktivierung des Cre/EGFP Reportersystems (siehe Fig. 12, obere und untere Graphik, umrandete Balken). Nach vorübergehender Forskolin-Stimulation unmittelbar nach Transfektion (4 μ M für 12 h) und FACS-Analyse nach 3 Tagen konnte ein deutlicher Anstieg der Gesamtzahl GFP-positiver Zellen und der kumulierten Gesamtfluoreszenz nach Kotransfektion von G-CREB und V-CBP-KIX beobachtet werden (siehe Fig. 12, schwarzer Balken, rechts). Ein weitaus geringerer aber ebenfalls signifikanter Anstieg der Anzahl GFP-positiver Zellen und Gesamtfluoreszenz konnte Forskolin abhängig für die Einzeltransfektion mit G-CREB gemessen werden. Dies läßt sich durch die ebenfalls stimulierte Interaktion von G-CREB mit dem endogen vorhandenen CBP oder verwandter transkriptioneller Ko-Faktoren erklären. Die stärkere relative Zunahme der Gesamt-Fluoreszenz mit und ohne Stimulation im Vergleich zur etwas geringeren relativen Zunahme an GFP-positiven Zellen deutet auf eine kinetische Komponente in dem System hin.

Zusammengenommen zeigen diese Ergebnisse, daß auch Zwei-Hybrid Analysen in den PC12 20.4 Zellen durchgeführt werden können mit Interaktionen die stimulus-abhängig und transient sind.

Beispiel 7: Proteolytische Aktivierung eines membranverankerten Transkriptionsaktivators nach transienter Kotransfektion und die damit verbundene Aktivierung des Reportersystems in PC12 20.4.

5

Membranverankerung des Gal4/VP16 Fusionsproteins in PC12 20.4 und die Aktivierung des Reportersystems nach proteolytische Abspaltung.

In diesem Beispiel wird die prinzipielle Machbarkeit des Protease Schalters an der Membran in PC12 20.4 Zellen beschrieben. Ziel war es einen weiteren intrazellulären

10

Mechanismus zu etablieren der proteolytische Ereignisse an der Peripherie in permanente Signale transduziert. Dazu wurde das zur Rekombinase-Aktivierung notwendige Gal4/VP16 Fusionsprotein an der Membran verankert (TM-GV) und sollte dann durch eine spezifische proteolytische Spaltung das Reportersystem im Zellkern aktivieren. Eine stabile Lokalisation von Gal4/VP16 an der Zellmembran wurde durch Fusion an die

15

Transmembrandomäne des PDGF (Platelet Derived Growth Factor)- Rezeptors erreicht, Insertion und korrekte Orientierung des Konstrukts in der Membran wurde durch eine N-terminale Signalsequenz sichergestellt. Die Effektivität der Aktivierung wurde über die Expression des Reporters EGFP analysiert. Dazu wurden die transfizierten Zellen nach 48h trypsiniert und in einem FAC-Analyzer (FACSCalibur von BD Bioscience) der Anteil an

20

positiven Zellen quantitativ bestimmt. Für dieses Experiment wurden auf einer 24-Loch Platte je $1,5 \times 10^5$ PC12 20.4 Zellen ausplattiert und am folgenden Tag mit jeweils $0,5 \mu\text{g}$ der entsprechenden Plasmid-DNA transfiziert (Lipofectamine2000; Invitrogen). Transiente Expression des chimären Membranproteins in PC12 20.4 Zellen führte zu keiner signifikanten Aktivierung des Reportersystems (Fig. 15), was zeigt, daß der GV-

25

Transkriptionsaktivator stabil an der Membran verankert ist. Zur proteolytischen Abspaltung des GV-Transaktivators wurde in der DNA Sequenz zwischen PDGF-Transmembransegment und Gal4/VP16 die kodierenden Basen der 7 Aminosäuren (ENLYFQG) langen Erkennungssequenz der Tobacco Etch Virus (TEV) Nla Protease eingefügt (TEV-Protease). Die Einführung dieser oder alternativer Proteaseschnittstellen

30

hatte keine unspezifische Freisetzung des Gal4/VP16 Fusionsproteins zur Folge. Koexpression der TEV-Protease führte jedoch zur effizienten Spaltung des TM/tev/GV Konstrukts und anschließend zu einer deutlichen Aktivierung des Cre/EGFP Reportersystems. In einem weiteren Schritt sollte gezeigt werden, daß die TEV-Protease auch nach Membranverankerung aktiv ist. Letzteres ist Grundvoraussetzung für die

35

Interaktionsanalyse von Membranproteine. Zu diesem Zweck wurde die TEV Protease in Analogie zum Gal4/VP16 Reporter N-Terminal mit der Transmembrandomäne des PDGF-

Rezeptors fusioniert und in PC12 20.4 Zellen mit dem TM/tevS/GV Konstrukt koexprimiert. Das Ergebnis zeigte keinen signifikanten Unterschied in der Aktivierung des Cre/EGFP Reportersystems von löslicher und membrangebundener Protease. Dieses Beispiel unterstreicht die prinzipielle Eignung der Methode zur Detektion von Protein-Interaktionen außerhalb des Zellkerns, insbesondere an der Zellmembran. Voraussetzung dafür ist die funktionelle Kopplung einer Interaktion an die proteolytische Spaltung, dies kann durch Transkomplementation einer Protease oder bei einer niederen Konzentration der beteiligten Partner auch durch Herstellung einer geeigneten Proximität zwischen Protease und Schnittstelle erfolgen (Fig. 15).

In Analogie zum Gal4/VP16 Transkriptionsaktivator-Konstrukt wurde der Cre-Reporter direkt an der Zellmembran verankert, wobei dessen proteolytische Freisetzung dann direkt zur Aktivierung von EGFP im Zellkern führt. Bei schwachen Interaktionen von sehr raren Proteinen besteht die Möglichkeit, daß die beschriebene Doppelstrategie nicht sensitiv genug ist eine Interaktion an der Membran in ein Signal zu transduzieren. Eine weitaus höhere Sensitivität wird erreicht wenn statt des bisher verwendeten Gal4/VP16 Aktivators, direkt die Cre-Rekombinase mittels einer PDGF Transmembrandomäne und verbunden durch eine Protease Erkennungstelle an die Membran gekoppelt wird. Überexpression des TM-Cre-Konstruktes führte zunächst zu einer erhöhten Hintergrundaktivität und mußte durch schwächere Expression kompensiert werden. Dazu wurde das TM-Cre Konstrukt stabil in PC12 Zellen transfiziert und auf hintergrundfreie Klone selektioniert. Diese Zelllinien, kotransfiziert mit TEV-Protease und STOP-EGFP-Reporterplasmid zeigten anschließend eine rasche und deutliche Grünfärbung.

Beispiel 8: Transkomplementation der TEV-Protease

Eine Möglichkeit für die Umsetzung einer Protein-Interaktion in die proteolytische Abspaltung eines membrangebundenen Transkriptionsaktivators bietet die Transkomplementation der TEV Protease. Die Nla Protease des Tobacco Etch Virus gehört zu der Familie der C4 Cystein Peptidasen, die strukturell den Trypsin ähnlichen Serin Protease homolog sind. Sie weisen demnach ebenfalls eine bilobale β -Barrel Struktur auf, in der drei Aminosäuren charakteristisch angeordnet sind. Aufmodellierung der Sequenz der TEV-Protease auf eine bekannte 3D-Struktur einer verwandten Protease (Dengue virus NS3 Protease PDB 1bef) mit Hilfe der Swissmodel Software legte nahe, dass diese

Aminosäuren, die sogenannten Triade, auf die beiden Loben der Struktur verteilt sind und sich gegenüberstehen. Zwar sind die beiden Loben physikalisch miteinander verbunden, scheinen sich aber voneinander unabhängig zu falten. Ansatzpunkt für die Transkomplementation war das Ziel die Aminosäuren der Triade so zu trennen, dass sie auf unterschiedlichen Fragmenten liegen, die für sich gesehen zwar eine Tertiärstruktur ausbilden, jedoch keine Aktivität zeigen. Mittels spezifischer PCR Oligonukleotide wurde die DNA für die N und C-terminale Fragmente der TEV-Protease amplifiziert wobei 5' eine NheI und eine 3' KpnI Restriktionsschnittstelle eingeführt wurde und in einem Plasmid über NheI und KpnI an die 3'-termini der über die PDGF-Transmembrandomäne verankerten "coiled coil" Domänen von GBR1 und GBR2 (siehe Beispiel 3 und 5) kloniert. Diese Konstrukte waren so konzipiert, daß die Interaktion der membranverankerten „coiled-coil“ Regionen, N- und C-terminales Fragment der TEV Protease zu einer aktiven Form wieder zusammenfügen und dies über die Abspaltung des ebenfalls membranverankerten Gal4/VP16 Transaktivators in PC12 20.4 Zellen detektiert werden kann. Um sicherzustellen, daß keine der beiden generierten TEV- „Untereinheiten“ proteolytische Aktivität besitzt wurden sie unabhängig transfiziert und getestet. Ebenso wurde durch Einklonierung der jeweiligen GBR Deletionsmutanten (siehe Beispiel 5) überprüft, dass die C und N-terminalen Loben keine Aktivität nach Kotransfektion erlangen. Im Experiment zeigte sich die Trennung der ersten katalytischen Aminosäure (His46) von den beiden anderen (Asp81 und Cys151) als die günstigste Kombination. Die beiden TEV Fragmente Gly1-Thr70 und Thr71-Gly243 erlangten bei Fusion an die membranverankerten, interagierenden "coiled coil" Domänen von GBR1 und GBR2 über 30% der Aktivität der intakten Protease (Fig.18). Weder Einzelexpression noch Koexpression der Fragmente fusioniert an die nichtinteragierenden Mutanten der GBR-Domänen führte zu einer vergleichbar starken Aktivierung des Reportersystems (Fig.18)

Literatur:

- Ashman, K., M. F. Moran, et al. (2001). "Cell signalling - the proteomics of it all." *Sci STKE* **2001**(103): E33.
- Baron, U., S. Freundlieb, et al. (1995). "Co-regulation of two gene activities by tetracycline via a bidirectional promoter." *Nucleic Acids Res* **23**(17): 3605-6.
- Barrett-AJ, Rawlings-ND, et al. (1998). *Handbook of Proteolytic Enzymes*, Academic Press.
- Baxevanis, A. D. and C. R. Vinson (1993). "Interactions of coiled coils in transcription factors: where is the specificity?" *Curr Opin Genet Dev* **3**(2): 278-85.
- Bazan, J. F. and R. J. Fletterick (1988). "Viral cysteine proteases are homologous to the trypsin-like family of serine proteases: structural and functional implications." *Proc Natl Acad Sci U S A* **85**(21): 7872-6.
- Bazan, J. F. and R. J. Fletterick (1989). "Comparative analysis of viral cysteine protease structural models." *FEBS Lett* **249**(1): 5-7.
- Brizuela, L., P. Braun, et al. (2001). "FLEXGene repository: from sequenced genomes to gene repositories for high-throughput functional biology and proteomics." *Mol Biochem Parasitol* **118**(2): 155-65.
- Broad, e. a. (1999). *Protease Based Gene Switching System*. PCT WO 99/11801 A2, Zeneca Ltd, GB.
- Buchholz, F., P. O. Angrand, et al. (1998). "Improved properties of FLP recombinase evolved by cycling mutagenesis." *Nat Biotechnol* **16**(7): 657-62.
- Chrivia, J. C., R. P. Kwok, et al. (1993). "Phosphorylated CREB binds specifically to the nuclear protein CBP." *Nature* **365**(6449): 855-9.
- Ehrhard, K. N., J. J. Jacoby, et al. (2000). "Use of G-protein fusions to monitor integral membrane protein-protein interactions in yeast." *Nat Biotechnol* **18**(10): 1075-9.
- Esposito, D. and J. J. Scocca (1997). "The integrase family of tyrosine recombinases: evolution of a conserved active site domain." *Nucleic Acids Res* **25**(18): 3605-14.
- Eyckerman, S., A. Verhee, et al. (2001). "Design and application of a cytokine-receptor-based interaction trap." *Nat Cell Biol* **3**(12): 1114-9.
- Faber, K. N., A. M. Kram, et al. (2001). "A novel method to determine the topology of peroxisomal membrane proteins in vivo using the tobacco etch virus protease." *J Biol Chem* **276**(39): 36501-7.

Fearon, E. R., T. Finkel, et al. (1992). "Karyoplasmic interaction selection strategy: a general strategy to detect protein-protein interactions in mammalian cells." *Proc Natl Acad Sci U S A* **89**(17): 7958-62.

Feil, R., J. Brocard, et al. (1996). "Ligand-activated site-specific recombination in mice." *Proc Natl Acad Sci U S A* **93**(20): 10887-90.

Fields, S. and O. Song (1989). "A novel genetic system to detect protein-protein interactions." *Nature* **340**(6230): 245-6.

Gavin, A. C., M. Bosche, et al. (2002). "Functional organization of the yeast proteome by systematic analysis of protein complexes." *Nature* **415**(6868): 141-7.

Gossen, M., S. Freundlieb, et al. (1995). "Transcriptional activation by tetracyclines in mammalian cells." *Science* **268**(5218): 1766-9.

Greene, L. A. and A. S. Tischler (1976). "Establishment of a noradrenergic clonal line of rat adrenal pheochromocytoma cells which respond to nerve growth factor." *Proc Natl Acad Sci U S A* **73**(7): 2424-8.

Guo, F., D. N. Gopaul, et al. (1997). "Structure of Cre recombinase complexed with DNA in a site-specific recombination synapse." *Nature* **389**(6646): 40-6.

Haj, F. G., P. J. Verveer, et al. (2002). "Imaging Sites of Receptor Dephosphorylation by PTP1B on the Surface of the Endoplasmic Reticulum." *Science* **295**(5560): 1708-11.

Hazzalin, C. A. and L. C. Mahadevan (2002). "MAPK-regulated transcription: a continuously variable gene switch?" *Nat Rev Mol Cell Biol* **3**(1): 30-40.

Hirowatari, Y., M. Hijikata, et al. (1995). "A novel method for analysis of viral proteinase activity encoded by hepatitis C virus in cultured cells." *Anal Biochem* **225**(1): 113-20.

Hubsman, M., G. Yudkovsky, et al. (2001). "A novel approach for the identification of protein-protein interaction with integral membrane proteins." *Nucleic Acids Res* **29**(4): E18.

Hunter, T. (2000). "Signaling--2000 and beyond." *Cell* **100**(1): 113-27.

Husi, H., M. A. Ward, et al. (2000). "Proteomic analysis of NMDA receptor-adhesion protein signaling complexes." *Nat Neurosci* **3**(7): 661-9.

Huttner, W. B. and A. Schmidt (2000). "Lipids, lipid modification and lipid-protein interaction in membrane budding and fission--insights from the roles of endophilin

A1 and synaptophysin in synaptic vesicle endocytosis." *Curr Opin Neurobiol* **10**(5): 543-51.

Johnsson, N. and A. Varshavsky (1994). "Split ubiquitin as a sensor of protein interactions in vivo." *Proc Natl Acad Sci U S A* **91**(22): 10340-4.

5 Kamada, S., H. Kusano, et al. (1998). "A cloning method for caspase substrates that uses the yeast two-hybrid system: cloning of the antiapoptotic gene gelsolin." *Proc Natl Acad Sci U S A* **95**(15): 8532-7.

Karimova, G., J. Pidoux, et al. (1998). "A bacterial two-hybrid system based on a reconstituted signal transduction pathway." *Proc Natl Acad Sci U S A* **95**(10): 5752-6.

10 Kellendonk, C., F. Tronche, et al. (1996). "Regulation of Cre recombinase activity by the synthetic steroid RU 486." *Nucleic Acids Res* **24**(8): 1404-11.

Kozak, M. (1987). "An analysis of 5'-noncoding sequences from 699 vertebrate messenger RNAs." *Nucleic Acids Res* **15**(20): 8125-48.

15 Kozak, M. (1989). "The scanning model for translation: an update." *J Cell Biol* **108**(2): 229-41.

Kuner, R., G. Kohr, et al. (1999). "Role of heteromer formation in GABAB receptor function." *Science* **283**(5398): 74-7.

20 Lewandoski, M. (2001). "Conditional control of gene expression in the mouse." *Nat Rev Genet* **2**(10): 743-55.

Luban, J. and S. P. Goff (1995). "The yeast two-hybrid system for studying protein-protein interactions." *Curr Opin Biotechnol* **6**(1): 59-64.

Lupas, A. (1996). "Coiled coils: new structures and new functions." *Trends Biochem Sci* **21**(10): 375-82.

25 Ma, P. C., M. A. Rould, et al. (1994). "Crystal structure of MyoD bHLH domain-DNA complex: perspectives on DNA recognition and implications for transcriptional activation." *Cell* **77**(3): 451-9.

Maroun, M. and A. Aronheim (1999). "A novel in vivo assay for the analysis of protein-protein interaction." *Nucleic Acids Res* **27**(13): e4.

30 Marshall, C. J. (1995). "Specificity of receptor tyrosine kinase signaling: transient versus sustained extracellular signal-regulated kinase activation." *Cell* **80**(2): 179-85.

Mattheakis, L. C., S. E. Olivan, et al. (1999). "Expression of cre recombinase as a reporter of signal transduction in mammalian cells." *Chem Biol* 6(11): 835-44.

Metzger, D., J. Clifford, et al. (1995). "Conditional site-specific recombination in mammalian cells using a ligand-dependent chimeric Cre recombinase." *Proc Natl Acad Sci U S A* 92(15): 6991-5.

Michnick, S. W. and A. Galarneau (2001). A Protein Fragment Complementation Assay (PCA) for the Detection of Protein-Protein Interactions Based on the E.coli TEM-1-Beta-Lactamase. PCT WO 01/94617 A2.

Michnick, S. W. and I. Remy (2001). Protein Fragment Complementation Assays for the Detection of Biological or Drug Interactions. United States Patent US 6,294,330. USA, Odyssey Pharmaceuticals Inc.

Migaud, M., P. Charlesworth, et al. (1998). "Enhanced long-term potentiation and impaired learning in mice with mutant postsynaptic density-95 protein." *Nature* 396(6710): 433-9.

Mohler, W. A. and H. M. Blau (1996). "Gene expression and cell fusion analyzed by lacZ complementation in mammalian cells." *Proc Natl Acad Sci U S A* 93(22): 12423-7.

Nunes-Duby, S. E., H. J. Kwon, et al. (1998). "Similarities and differences among 105 members of the Int family of site-specific recombinases." *Nucleic Acids Res* 26(2): 391-406.

Pawson, T. and J. D. Scott (1997). "Signaling through scaffold, anchoring, and adaptor proteins." *Science* 278(5346): 2075-80.

Pelletier, J. N., F. X. Campbell-Valois, et al. (1998). "Oligomerization domain-directed reassembly of active dihydrofolate reductase from rationally designed fragments." *Proc Natl Acad Sci U S A* 95(21): 12141-6.

Pestova, T. V., V. G. Kolupaeva, et al. (2001). "Molecular mechanisms of translation initiation in eukaryotes." *Proc Natl Acad Sci U S A* 98(13): 7029-36.

Prochiantz, A. (2000). "Messenger proteins: homeoproteins, TAT and others." *Curr Opin Cell Biol* 12(4): 400-6.

Rigaut, G., A. Shevchenko, et al. (1999). "A generic protein purification method for protein complex characterization and proteome exploration." *Nat Biotechnol* 17(10): 1030-2.

Rojo-Niersbach, E., D. Morley, et al. (2000). "A new method for the selection of protein interactions in mammalian cells." *Biochem J* **348**(Pt 3): 585-90.

Rossi, F., C. A. Charlton, et al. (1997). "Monitoring protein-protein interactions in intact eukaryotic cells by beta-galactosidase complementation." *Proc Natl Acad Sci U S A* **94**(16): 8405-10.

Ryan, M. D. and M. Flint (1997). "Virus-encoded proteinases of the picornavirus supergroup." *J Gen Virol* **78**(Pt 4): 699-723.

Sambrook-J and Russell-DW (2001). Cold Spring Harbor, NY, CSHL Press.

Sauer, B. (1990). Site Specific Recombination of DNA in Eucaryotic Cells. United States Patent 4,959,317. USA, Du Pont.

Sauer, B. (1998). "Inducible gene targeting in mice using the Cre/lox system." *Methods* **14**(4): 381-92.

Shaikh, A. C. and P. D. Sadowski (2000). "Trans complementation of variant Cre proteins for defects in cleavage and synapsis." *J Biol Chem* **275**(39): 30186-95.

Shioda, T., S. Andriole, et al. (2000). "A green fluorescent protein-reporter mammalian two-hybrid system with extrachromosomal maintenance of a prey expression plasmid: application to interaction screening." *Proc Natl Acad Sci U S A* **97**(10): 5220-4.

Siegel, R. M., F. K. Chan, et al. (2000). "Measurement of molecular interactions in living cells by fluorescence resonance energy transfer between variants of the green fluorescent protein." *Sci STKE* **2000**(38): L1.

Simons, K. and E. Ikonen (1997). "Functional rafts in cell membranes." *Nature* **387**(6633): 569-72.

Simpson, J. C., R. Wellenreuther, et al. (2000). "Systematic subcellular localization of novel proteins identified by large-scale cDNA sequencing." *EMBO Rep* **1**(3): 287-92.

Uhlmann, F., D. Wernic, et al. (2000). "Cleavage of cohesin by the CD clan protease separin triggers anaphase in yeast." *Cell* **103**(3): 375-86.

Ullmann, A., D. Perrin, et al. (1965). "[Identification, by in vitro complementation and purification, of a peptide fraction of Escherichia coli beta-galactosidase]." *J Mol Biol* **12**(3): 918-23.

Vagner, S., B. Galy, et al. (2001). "Irresistible IRES. Attracting the translation machinery to internal ribosome entry sites." *EMBO Rep* **2**(10): 893-8.

Xu, Y., D. W. Piston, et al. (1999). "A bioluminescence resonance energy transfer (BRET) system: application to interacting circadian clock proteins." *Proc Natl Acad Sci U S A* **96**(1): 151-6.

Yasukawa, H., A. Sasaki, et al. (2000). "Negative regulation of cytokine signaling pathways." *Annu Rev Immunol* **18**: 143-64.

Ziauddin, J. and D. M. Sabatini (2001). "Microarrays of cells expressing defined cDNAs." *Nature* **411**(6833): 107-10.

Patentansprüche

5

1. Verfahren zur Detektion und Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle, wobei Protein-Interaktions-abhängig die Aktivität mindestens eines Enzyms aus der Gruppe der Rekombinasen und Proteasen in der Zelle bereitgestellt und in ein permanentes Detektionssignal der Zelle umgesetzt wird, welches gegenüber der klassischen Transkriptionsaktivierung von Reporter-Genen verstärkt ist.

10

2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß eine schwache oder transiente Protein-Interaktion vorliegt.

15

3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß das Enzym eine Rekombinase ist, deren Aktivität durch die Transfektion oder Infektion der Zelle mit

dem Expressionsvektor i) umfassend ein Rekombinase-Gen, welches unter der Kontrolle eines Transkriptionsfaktors steht,

20

bereitgestellt wird,

und daß das Detektionssignal durch die Transfektion oder Infektion der Zelle mit einem Konstrukt ii), das eine von Rekombinationsstellen flankierte Stop-Kassette mit der nachgeschalteten Nukleotidsequenz eines Reporter-Gens unter der Kontrolle eines konstitutiven Promoters umfaßt, entsteht.

4. Verfahren nach Anspruch 3, dadurch gekennzeichnet, daß die durchgeführten Transfektionen oder Infektionen der Zelle stabil sind.

30

5. Verfahren nach Anspruch 3, dadurch gekennzeichnet, daß die durchgeführten Transfektionen oder Infektionen der Zelle transient sind.

6. Verfahren nach einem der Ansprüche 3 bis 5, dadurch gekennzeichnet, daß das Reporter-Gen ausgewählt ist aus der Gruppe der fluoreszierenden Reporter, insbesondere GFP- und seine Varianten, Luciferase, Reporter mit enzymatischer Funktion, insbesondere beta-Galaktosidase, Resistenz-vermittelnde Gene, sowie Gene zur Wachstumsselektion.

35

7. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß das Enzym eine Rekombinase ist, deren Aktivität durch die Protein-Interaktions-abhängige Transkomplementation einer funktionalen Rekombinase im Zellkern bereitgestellt wird,

5 und daß das Detektionssignal durch die Transfektion oder Infektion der Zelle mit einem Konstrukt ii), das eine von Rekombinationsstellen flankierte Stop-Kassette mit der nachgeschalteten Nukleotidsequenz eines Reporter-Gens unter der Kontrolle eines konstitutiven Promoters umfaßt, entsteht.

10 8. Verfahren nach Anspruch 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Transkomplementation der funktionalen Rekombinase durch die folgenden Schritte erfolgt:

- 15 a) Expression eines ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und einen Teil der Rekombinase, und eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen weiteren Teil der Rekombinase;
- b) Rekonstituierung einer funktionellen Rekombinase durch die Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners miteinander im Zellkern.

20 9. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß die Aktivitäten einer Protease und einer Rekombinase bereitgestellt werden und daß die Aktivität der Protease durch die Protein-Interaktions-abhängige Transkomplementation einer funktionalen Protease entsteht.

10. Verfahren nach Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, daß die Transkomplementation der funktionalen Protease durch die folgenden Schritte erfolgt:

- 30 e) Expression eines
- ea) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und einen Teil einer Protease, und
- eb) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen weiteren Teil der Protease,

wobei gegebenenfalls mindestens eines der beiden Fusionsproteine eine weitere Domäne besitzt, die zur Verankerung des Fusionsproteins außerhalb des Zellkerns führt, und

5 ec) Expression einer funktionalen Rekombinase,
welche gegebenenfalls eine weitere Domäne des ersten oder zweiten Fusionsproteins darstellt und von den übrigen Domänen durch eine Erkennungs- und Schnittstelle für die Protease proteolytisch abspaltbar ist, oder

10 Expression einer funktionalen Rekombinase
auf einem dritten Fusionsprotein, welches neben der funktionalen Rekombinase selbst, die durch eine Erkennungs- und Schnittstelle für die Protease proteolytisch abspaltbar ist, eine weitere Domäne umfaßt, die zur Verankerung des dritten Fusionsproteins außerhalb des Zellkerns führt;

15 in einer Zelle;

- f) Rekonstituierung einer funktionalen Protease durch die Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners miteinander;
- g) proteolytisches Abspalten der funktionalen Rekombinase von seiner Verankerung außerhalb des Zellkerns durch die rekonstituierte Protease aus
- 20 f)
- h) Transport der funktionalen Rekombinase in den Zellkern und Aktivierung eines Rekombinase-abhängigen Reporter-Gens.

11. Verfahren nach Anspruch 10, dadurch gekennzeichnet, daß in Schritt e) als Komponente ec) eine funktionale Rekombinase exprimiert wird, welche mindestens eine weitere Domäne besitzt, die zur Verankerung der Rekombinase an der Zellmembran führt, und die in Schritt g) proteolytisch von ihrer Verankerung an der Zellmembran abgespalten wird.

30 12. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß die Aktivität des Enzyms in der Zelle dadurch bereitgestellt wird, daß eine Protein-Interaktions-vermittelte räumliche Proximität zwischen der Protease und ihrem Substrat erzeugt wird.

35 13. Verfahren nach Anspruch 12, dadurch gekennzeichnet, daß die Aktivität einer Protease in der Zelle durch die räumliche Proximität zwischen der Protease und ihrem Substrat durch die folgenden Schritte erzeugt wird:

j) Expression eines

ja) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und eine funktionale Protease, und

jb) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner, eine funktionale Rekombinase-Domäne und eine weitere Domäne, die zur Verankerung außerhalb des Zellkerns führt, wobei zumindest die funktionale Rekombinase-Domäne von der Domäne, welche zur Verankerung des zweiten Fusionsproteins außerhalb des Zellkerns führt, durch eine Erkennungs- und Schnittstelle der verwendeten Protease proteolytisch abspaltbar ist,

in der Zelle,

k) Bewirken einer aus der Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners resultierenden räumlichen Proximität zwischen der funktionalen Protease des ersten Fusionsproteins und der Protease-Erkennungs- und Schnittstelle auf dem zweiten Fusionsprotein,

l) proteolytisches Abspalten der außerhalb des Zellkerns verankerten funktionalen Rekombinase durch Spalten der Protease-Schnittstelle mit der proximalen Protease, Transport der freien funktionalen Rekombinase in den Zellkern und Aktivierung eines Reporter-Systems.

14. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß das permanente Detektionssignal durch die Protein-Interaktions-abhängige Bereitstellung eines spezifischen funktionalen Transkriptionsfaktors im Zellkern dieser Zelle induziert wird.

15. Verfahren nach Anspruch 14, dadurch gekennzeichnet, daß der spezifische funktionale Transkriptionsfaktor im Zellkern der Zelle durch Protein-Interaktions-abhängige Transkomplementation eines funktionalen Transkriptionsfaktors im Zellkern bereitgestellt wird.

16. Verfahren nach Anspruch 15, dadurch gekennzeichnet, daß die Transkomplementation des funktionalen Transkriptionsfaktors im Zellkern die folgenden Schritte umfaßt:

m) Expression eines ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und einen Teil des Transkriptionsfaktors, und eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen weiteren Teil des Transkriptionsfaktors;

5 n) Rekonstituierung eines funktionellen Transkriptionsfaktors durch die Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners miteinander;

o) Induktion der Expression einer funktionalen Rekombinase zur Aktivierung eines Rekombinase-abhängigen Reporter-Systems im Zellkern.

10 17. Verfahren nach Anspruch 14, dadurch gekennzeichnet, daß der spezifische funktionale Transkriptionsfaktor im Zellkern der Zelle durch Protein-Interaktionsvermittelte Proximität zwischen einer Protease und ihrem Substrat bereitgestellt wird.

15 18. Verfahren nach Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß die räumliche Proximität zwischen der Protease und ihrem Substrat durch die folgenden Schritte erzeugt wird:

20 j) Expression eines

ja) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und eine funktionale Protease, und

jb) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner, eine funktionale Transkriptionsfaktor-Domäne und eine weitere Domäne, die zu einer Verankerung außerhalb des Zellkerns führt, wobei zumindest die funktionale Transkriptionsfaktor-Domäne von der Domäne, welche zur Verankerung des zweiten Fusionsproteins außerhalb des Zellkerns führt, durch eine Erkennungs- und Schnittstelle der verwendeten Protease proteolytisch abspaltbar ist,

30 in der Zelle,

k) Bewirken einer aus der Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners resultierenden räumlichen Proximität zwischen der funktionalen Protease des ersten Fusionsproteins und der Protease-Erkennungs- und Schnittstelle auf dem zweiten Fusionsprotein,

35 l) proteolytisches Abspalten des außerhalb des Zellkerns verankerten funktionalen Transkriptionsfaktors durch Spalten der Protease-Schnittstelle

mit der proximalen Protease, Transport des freien funktionalen Transkriptionsfaktors in den Zellkern und Aktivierung eines Reporter-Systems.

5 19. Verfahren nach Anspruch 14, dadurch gekennzeichnet, daß der spezifische funktionale Transkriptionsfaktor im Zellkern der Zelle durch die Protein-Interaktions-abhängige Transkomplementation einer Protease bereitgestellt wird.

10 20. Verfahren nach Anspruch 19, dadurch gekennzeichnet, daß die Transkomplementation einer Protease durch die folgenden Schritte erreicht wird:

p) Expression eines

pa) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und einen Teil einer Protease, und

15 pb) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen weiteren Teil der Protease,

wobei gegebenenfalls mindestens eines der beiden Fusionsproteine eine weitere Domäne besitzt, die zur Verankerung des Fusionsproteins außerhalb
20 des Zellkerns führt, und

pc) Expression eines funktionalen Transkriptionsfaktors,

welcher gegebenenfalls eine weitere Domäne des ersten oder zweiten Fusionsproteins darstellt und von den übrigen Domänen des Fusionsproteins durch eine Erkennungs- und Schnittstelle für eine Protease proteolytisch abspaltbar ist, oder

30 Expression eines funktionalen Transkriptionsfaktors auf einem dritten Fusionsprotein, welches neben dem funktionalen Transkriptionsfaktor selbst, der durch eine Erkennungs- und Schnittstelle für die Protease proteolytisch abspaltbar ist, eine weitere Domäne umfaßt, die zur Verankerung des dritten Fusionsproteins außerhalb des Zellkerns führt;

in einer Zelle;

35 q) Rekonstituierung einer funktionalen Protease durch die Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners miteinander;

- r) proteolytisches Abspalten des funktionalen Transkriptionsfaktors von seiner Verankerung außerhalb des Zellkerns durch die rekonstituierte Protease aus q)
- s) Bereitstellung eines funktionalen Transkriptionsfaktors im Zellkern und anschließende Induktion der Expression eines Rekombinase-abhängigen oder eines Rekombinase-unabhängigen, klassischen Reporter-Systems.

21. Verfahren nach Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß der in Schritt r) proteolytisch abgespaltene funktionale Transkriptionsfaktor in Schritt s) im Zellkern

- zur Induktion der Expression eines Rekombinase-unabhängigen, klassischen Reporter-Systems führt und
- zusätzlich zur Induktion der Expression einer funktionalen Protease zur weiteren dauerhaften Aktivierung des eingesetzten Reporter-Systems führt..

22. Verfahren zur Detektion und Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle, umfassend die folgenden Schritte:

- u) Expression eines
 - ua) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und einen Teil einer Protease, und
 - ub) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen weiteren Teil der Protease, und
 - uc) eines durch Proteolyse aktivierbaren oder inaktivierbaren Reporters, in der Zelle;
- v) Rekonstituierung einer funktionalen Protease durch die Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners miteinander;
- w) Aktivierung des durch Proteolyse aktivierbaren oder Inaktivierung des durch Proteolyse inaktivierbaren Reporters durch die rekonstituierte funktionale Protease aus Schritt v).

23. Verfahren nach Anspruch 22, dadurch gekennzeichnet, daß in Schritt u) als Komponente uc) ein durch Proteolyse aktivierbares Reporterprotein exprimiert wird, dessen Reporteraktivität durch die Insertion einer zusätzlichen Aminosäuresequenz und/oder die Insertion von mindestens einer Erkennungs- und Schnittstelle für eine Protease inaktiviert ist und durch die Aktivität einer Protease proteolytisch aktivierbar ist.

24. Verfahren nach Anspruch 22, dadurch gekennzeichnet, daß in Schritt u) als Komponente uc) ein durch Proteolyse inaktivierbares Reporterprotein exprimiert wird, das mindestens eine Erkennungs- und Schnittstellen für eine Protease enthält und dessen Reporteraktivität proteolytisch inaktivierbar ist.

25. Verfahren zur Detektion und Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle, umfassend die folgenden Schritte:

x) Expression eines

xa) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und eine funktionale Protease, und

xb) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen durch Proteolyse aktivierbaren oder inaktivierbaren Reporter,

in der Zelle;

y) Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners miteinander;

z) Aktivierung des durch Proteolyse aktivierbaren Reporters oder Inaktivierung des durch Proteolyse inaktivierbaren Reporters durch die Protein-Interaktionsabhängige räumliche Proximität der funktionalen Protease des ersten Fusionsproteins xa) und des durch Proteolyse aktivierbaren oder inaktivierbaren Reporter des zweiten Fusionsproteins xb).

26. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß die Aktivität einer Protease bereitgestellt wird und daß die Umsetzung dieser Aktivitäten in ein permanentes Detektionssignal über die folgenden Einzelschritte erfolgt:

A) Expression eines

I ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und einen Teil einer Protease, und

II eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen weiteren Teil der Protease, und

III einer Protease, die durch Proteolyse aktivierbar ist,

in der Zelle;

B) Transkomplementation einer funktionalen Protease durch die Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners miteinander;

- C) Aktivierung der Proteasen, die proteolytisch aktivierbar sind, durch die transkomplementierte funktionale Protease aus Schritt B);
- D) Aktivierung oder Inaktivierung eines proteolytisch aktivierbaren oder eines proteolytisch inaktivierbaren Reporter-Systems durch die funktionalen Proteasen aus den Schritten B) und C).

27. Verfahren zur Detektion und Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle, umfassend die folgenden Schritte:

- J) Expression eines
 - Ja) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und einen Teil einer Protease, und
 - Jb) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen weiteren Teil der Protease, und
 - Jc) konstitutive Expression eines über eine geeignete Domäne außerhalb des Zellkerns verankerten Reporter-Proteins, welches von dieser Verankerung proteolytisch abspaltbar ist, und zusätzlich eine weitere Domäne umfaßt, welche nach der proteolytischen Abspaltung die Lokalisation des Reporter-Proteins in ein bestimmtes Kompartiment der Zelle bewirkt;
- in der Zelle;
- K) Rekonstituierung einer funktionalen Protease durch die Interaktion des ersten und des zweiten Interaktionspartners miteinander;
- L) Proteolytische Abspaltung des Reporter-Proteins mitsamt seiner Domäne, die die Lokalisation des freien Reporter-Proteins in ein bestimmtes Kompartiment der Zelle bewirkt, durch die funktionale Protease aus Schritt K);
- M) Detektion der veränderten Lokalisation des Reporter-Proteins.

28. Screening-Verfahren zur Identifizierung eines spezifischen Interaktionspartners eines Köder-Proteins unter Durchführung des Verfahrens nach einem der Ansprüche 1 bis 27.

29. Screening-Verfahren nach Anspruch 28, dadurch gekennzeichnet, daß zur Identifizierung eines spezifischen Interaktionspartners des Köder-Proteins eine cDNA-Bibliothek oder eine ORF-Bibliothek exprimiert wird.

30. Screening-Verfahren zur Identifizierung von Substanzen oder Stimuli, die die spezifische Assoziation von Proteinen mit anderen Molekülen ausgewählt aus der Gruppe der Proteine, Lipide, Nukleinsäuren und niedermolekularen Substanzen bewirken.

5

31. Verfahren zur Detektion und Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle, wobei als Folge der induzierten Dissoziation einer definierten Interaktion zwischen Interaktionspartnern die Aktivität mindestens eines Enzyms aus der Gruppe der Rekombinasen und Proteasen in der Zelle bereitgestellt und in ein permanentes Detektionssignal der Zelle umgesetzt wird.

10

32. Verfahren nach Anspruch 31, dadurch gekennzeichnet, daß die induzierte Dissoziation der definierten Interaktion zwischen Interaktionspartnern transient ist.

15

33. Verfahren nach Anspruch 31 oder 32, dadurch gekennzeichnet, daß die induzierte Dissoziation der definierten Interaktion zwischen Proteinen durch mindestens eines der Ereignisse ausgewählt aus
der Gegenwart eines spezifischen Inhibitors der Protein-Interaktion, und
der Gegenwart eines Stimulus, der die Protein-Interaktion beeinflußt,
verursacht wird.

20

34. Verfahren nach einem der Ansprüche 31 bis 33, dadurch gekennzeichnet, daß als Folge der induzierten Dissoziation einer definierten Interaktion zwischen Proteinen die Aktivität einer Rekombinase durch die folgenden Schritte bereitgestellt und in ein permanentes Detektionssignal umgesetzt wird:

O) Expression und spezifische Interaktion

Oa) eines ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und eine funktionale Rekombinase, und

Ob) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen Inhibitor der Rekombinase
in der Zelle,

P) induzierte Dissoziation der interagierenden Fusionsproteine und dadurch Aufhebung der Proximität zwischen der Rekombinase und ihrem Inhibitor und Bereitstellung einer funktionalen Rekombinase,

Q) Aktivierung eines Rekombinase-abhängigen Reportersystems durch die funktionale Rekombinase aus Schritt P).

35

35. Verfahren nach einem der Ansprüche 31 bis 33, wobei als Folge der induzierten Dissoziation einer definierten Interaktion zwischen Proteinen die Aktivität einer Rekombinase dadurch bereitgestellt und in ein permanentes Detektionssignal umgesetzt wird, daß in Abhängigkeit von der Dissoziation der definierten Protein-
5 Interaktion ein spezifischer funktionaler Transkriptionsfaktor im Zellkern dieser Zelle bereitgestellt wird, welcher anschließend ein Rekombinase-abhängiges Reporter-Gen aktiviert.

10 36. Verfahren nach einem der Ansprüche 31 bis 33, dadurch gekennzeichnet, daß als Folge der induzierten Dissoziation einer definierten Interaktion zwischen Proteinen die Aktivität einer Protease und gegebenenfalls auch die Aktivität einer Rekombinase in der Zelle durch die folgenden Schritte bereitgestellt und in ein permanentes Detektionssignal umgesetzt wird:

15 R) Expression und spezifische Interaktion eines

Ra) ersten Fusionsproteins, umfassend den ersten Interaktionspartner und eine funktionale Protease und

20 Rb) eines zweiten Fusionsproteins, umfassend den zweiten Interaktionspartner und einen Inhibitor für die funktionale Protease, und

wobei gegebenenfalls mindestens eines der beiden Fusionsproteine eine weitere Domäne besitzt, die zur Verankerung des Fusionsproteins außerhalb des Zellkerns führt, und

30 Rc) Expression eines funktionalen Proteins ausgewählt aus der Gruppe der Transkriptionsfaktoren, Rekombinasen und proteolytisch aktivierbare oder inaktivierbare Reporter-Proteine, welches gegebenenfalls eine weitere Domäne des ersten oder zweiten Fusionsproteins darstellt und von den übrigen Domänen durch eine Erkennungs- und Schnittstelle für die Protease proteolytisch abspaltbar ist,

oder welches gegebenenfalls ein weiteres konstitutiv exprimiertes Fusionsprotein darstellt und eine Domäne zur Verankerung außerhalb des Zellkerns und durch eine Erkennungs- und Schnittstelle für die Protease von seiner Verankerung proteolytisch abspaltbar ist

35 Rd) gegebenenfalls Expression einer proteolytisch aktivierbaren Protease,

in der Zelle,

5 S) induzierte Dissoziation der interagierenden Fusionsproteine, dadurch
Aufhebung der Proximität zwischen der Protease und ihrem Inhibitor und
Bereitstellung einer funktionalen Protease,

T) proteolytisches Abspalten der funktionalen Rekombinase oder des
funktionalen Transkriptionsfaktors aus Rc) von seiner Verankerung
außerhalb des Zellkerns durch die funktionale Protease aus Schritt S) und
Transport in den Zellkern

10 U) Aktivierung eines Rekombinase-abhängigen Reporter-Systems
oder

V) proteolytische Aktivierung der proteolytisch aktivierbaren Protease aus Rd)
durch die funktionale Protease aus Schritt S),

15 W) Aktivierung oder Inaktivierung der proteolytisch aktivierbaren oder
inaktivierbaren Reporterproteine aus Rc) durch die funktionalen Proteasen
aus Schritt S) und aus Schritt V).

37. Verfahren nach Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß in Schritt R) als
funktionales Protein Rc) ein funktionaler, von seiner Verankerung außerhalb des
20 Zellkerns proteolytisch abspaltbarer Transkriptionsfaktor exprimiert wird, der in
Schritt T) durch die funktionale Protease aus Schritt S) proteolytisch abgespalten
wird und der in Schritt U) ein Rekombinase-abhängiges Reporter-System aktiviert.

38. Verfahren nach Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß in Schritt R) als
weiteres funktionales Protein Rc) eine funktionale, von ihrer Verankerung
außerhalb des Zellkerns proteolytisch abspaltbare Rekombinase exprimiert wird,
die in Schritt T) durch die funktionale Protease aus Schritt S) von ihrer
Verankerung abgespalten wird und die in Schritt U) ein Rekombinase-abhängiges
Reporter-Gen aktiviert.

39. Verfahren nach Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß in Schritt R) als
funktionales Protein Rc) ein proteolytisch aktivierbares oder inaktivierbares
Reporterprotein exprimiert wird und daß die proteolytisch aktivierbare Protease Rd)
exprimiert wird, welche in Schritt V) durch die funktionale Protease aus Schritt S)
35 proteolytisch aktiviert wird und welche in Schritt W) ein proteolytisch aktivierbares
oder inaktivierbares Reporter-Protein aktivieren oder inaktivieren.

40. Screening-Verfahren zur Identifikation oder Charakterisierung von spezifischen Inhibitoren einer definierten Protein-Interaktion oder zur Identifikation oder Charakterisierung eines definierten Stimulus, der eine definierte Protein-Interaktion beeinflusst, unter Durchführung des Verfahrens nach einem der Ansprüche 31 bis 39.

41. Zelle, die mit mindestens einem Expressionsvektor transfiziert oder infiziert wurde, der mindestens eine der Komponenten i) und ii) umfaßt, wobei

i) ein Rekombinase-Gen, welches unter der Kontrolle eines Transkriptionsfaktors steht,

ii) ein Konstrukt, das eine von Rekombinationsstellen flankierte Stop-Kassette mit der nachgeschalteten Nukleotidsequenz eines Reporter-Gens unter der Kontrolle eines konstitutiven Promoters umfaßt,

iii) ein Konstrukt, umfassend eine außerhalb des Zellkerns verankerte Rekombinase, welche proteolytisch abspaltbar ist,

iv) ein Konstrukt, umfassend einen außerhalb des Zellkerns verankerten Transkriptionsfaktor, welcher proteolytisch abspaltbar ist,

v) ein Konstrukt, umfassend einen proteolytisch aktivierbares oder inaktivierbares Reporter-Protein,

vi) ein Konstrukt, umfassend eine proteolytisch aktivierbare Protease,

vii) ein Protease-Gen, welches unter der Kontrolle eines Transkriptionsfaktors steht, ist.

42. Zelle nach Anspruch 41, dadurch gekennzeichnet, daß die Zelle stabil transfiziert oder infiziert wurde.

43. Zelle nach Anspruch 41, dadurch gekennzeichnet, daß die Zelle transient transfiziert oder infiziert wurde.

44. Zelle nach einem der Ansprüche 41 bis 43, dadurch gekennzeichnet, daß es sich um eine Zelle auswählt aus der Gruppe Bakterienzelle, Hefezelle oder Zellen höherer Eukaryonten, insbesondere um neuronale Zellen oder Säugerzelllinien, handelt.

45. Kit zur Detektion und zur Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle umfassend Expressionsvektoren, die die Nukleotidsequenzen kodierend für

mindestens die folgenden Protein-Komponenten jeweils unter der Kontrolle von heterologen Promotoren umfassen:

1. erstes Fusionsprotein, umfassend eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des Köder-Proteins und einen Teil einer Protease;
2. zweites Fusionsprotein, umfassend eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des Beute-Proteins und einen weiteren Teil einer Protease;

und gegebenenfalls umfassend Expressionsvektoren, die mindestens eines der folgenden Konstrukte umfassen:

3. eine funktionale Rekombinase oder ein funktionaler Transkriptionsfaktor, der von einer Domäne zur Verankerung an einer zytoplasmatischen Struktur durch eine Erkennungs- und Schnittstelle für eine Protease proteolytisch abspaltbar ist, wobei diese Komponenten entweder als weitere Anteile des ersten oder zweiten Fusionsproteins oder als eigenständiges drittes Fusionsprotein eingesetzt werden können;
4. ein Konstrukt zur Expression eines Rekombinase-Gens, welches unter der Kontrolle des funktionalen Transkriptionsfaktors aus Nr. 3. steht;
5. ein Konstrukt, das eine von Erkennungsstellen für Rekombinasen flankierte Stop-Kassette mit der nachgeschalteten Nukleotidsequenz eines Reporter-Gens unter der Kontrolle eines konstitutiven Promoters umfaßt;
6. ein Konstrukt zur Expression eines proteolytisch aktivierbaren oder proteolytisch inaktivierbaren Reporter-Gens;
7. ein Konstrukt zur Expression einer proteolytisch aktivierbaren Protease.

46. Kit zur Detektion und zur Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle umfassend Expressionsvektoren, die die Nukleotidsequenzen kodierend für mindestens die folgenden Protein-Komponenten jeweils unter der Kontrolle von heterologen Promotoren umfassen:

1. ein erstes Fusionsprotein, umfassend eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des ersten Interaktionspartners und einer funktionalen Protease;
2. ein zweites Fusionsprotein, umfassend eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des zweiten Interaktionspartners und eines Proteins ausgewählt aus der Gruppe der Rekombinasen, Transkriptionsfaktoren und Reporter-Proteine, welches gegebenenfalls außerhalb des Zellkerns verankert ist,

und gegebenenfalls umfassend Expressionsvektoren, die mindestens eines der folgenden Konstrukte umfassen:

- 5 3. ein Konstrukt zur Expression eines Rekombinase-Gens, welches unter der Kontrolle des funktionalen Transkriptionsfaktors aus Nr. 2. steht;
4. ein Konstrukt, das eine von Erkennungsstellen für Rekombinasen flankierte Stop-Kassette mit der nachgeschalteten Nukleotidsequenz eines Reporter-Gens unter der Kontrolle eines konstitutiven Promoters umfaßt.

10 47. Kit zur Detektion und zur Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle umfassend Expressionsvektoren, die die Nukleotidsequenzen kodierend für mindestens die folgenden Protein-Komponenten jeweils unter der Kontrolle von heterologen Promotoren umfassen:

- 15 1. ein erstes Fusionsprotein, umfassend eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des ersten Interaktionspartners und eines ersten Teils eines Proteins ausgewählt aus der Gruppe der Transkriptionsfaktoren oder Rekombinasen;
2. ein zweites Fusionsprotein, umfassend eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des zweiten Interaktionspartners und eines zweiten Teils eines Proteins ausgewählt aus der Gruppe der Transkriptionsfaktoren oder Rekombinasen;

25 und gegebenenfalls umfassend Expressionsvektoren, die mindestens eines der folgenden Konstrukte umfassen:

3. ein Konstrukt zur Expression eines Rekombinase-Gens, welches unter der Kontrolle des funktionalen, transkomplementierten Proteins aus Nr. 1 und 2 steht, wobei dieses Protein ein Transkriptionsfaktor ist;
- 30 4. ein Konstrukt, das eine von Erkennungsstellen für Rekombinasen flankierte Stop-Kassette mit der nachgeschalteten Nukleotidsequenz eines Reporter-Gens unter der Kontrolle eines konstitutiven Promoters umfaßt.

48. Kit nach Anspruch 45, dadurch gekennzeichnet, daß
das erste Fusionsprotein eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des Köder-
Proteins und eine funktionales Enzym aus der Gruppe der Proteasen oder
Rekombinasen,
und daß das zweite Fusionsprotein eine Klonierungsstelle zur Einklonierung des
Beute-Proteins und einen funktionalen Inhibitor für ein Enzym aus der Gruppe der
Proteasen und Rekombinasen
umfaßt.
49. Kit nach einem der Ansprüche 45 bis 48, dadurch gekennzeichnet, daß in die
Klonierungsstelle des zweiten Fusionsproteins eine cDNA-Bibliothek zum
Screening nach Interaktionspartnern des Köder-Proteins einkloniert ist.
50. Kit nach einem der Ansprüche 45 bis 49, dadurch gekennzeichnet, daß zusätzlich
Zellen auswählt aus der Gruppe Bakterienzelle, Hefezelle oder Zellen höherer
Eukaryonten, insbesondere neuronale Zellen oder Säugerzelllinien, bereitgestellt
werden, die sich mit den Expressionsvektoren aus Anspruch 45 bis 49 transfizieren
oder infizieren lassen.
51. Kit nach Anspruch 50, dadurch gekennzeichnet, daß die zusätzlich bereitgestellten
Zellen mit mindestens einem der in Anspruch 45 bis 49 definierten
Expressionsvektoren stabil transfiziert oder infiziert sind, und daß lediglich die in
Anspruch 45 bis 49 definierten Expressionsvektoren, mit denen die Zellen nicht
stabil transfiziert oder infiziert sind, zusätzlich in Form von Expressionsplasmiden
bereitgestellt werden.
52. Verwendung mindestens eines Enzyms aus der Gruppe der Rekombinasen und
Proteasen zur Protein-Interaktions-abhängigen Erzeugung eines permanenten
Detektionssignals in der Zelle, welches gegenüber der klassischen
Transkriptionsaktivierung von Reporter-Genen verstärkt ist.

AXARON Bioscience AG

13. März 2002
BL61993 IB/SIP

Zusammenfassung

5

Die Erfindung betrifft ein Verfahren zur Detektion und Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle, wobei Protein-Interaktions-abhängig die Aktivität mindestens eines Enzyms aus der Gruppe der Rekombinasen und Proteasen in der Zelle bereitgestellt und in ein permanentes Detektionssignal umgesetzt wird, welches gegenüber der klassischen Transkriptionsaktivierung von Reporter-Genen verstärkt ist.

10

Die Erfindung betrifft weiterhin reverse Ausführungsformen des obigen Verfahrens zur Detektion und Analyse von Protein-Interaktionen in einer Zelle, wobei als Folge der induzierten Dissoziation einer definierten Interaktion zwischen Proteinen die Aktivität mindestens eines Enzyms aus der Gruppe der Rekombinasen und Proteasen in der Zelle bereitgestellt und in ein permanentes Detektionssignal der Zelle umgesetzt wird.

15

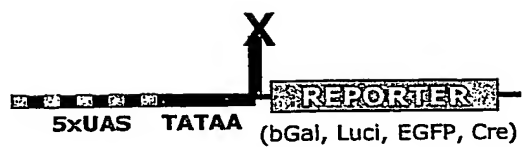
Die Erfindung betrifft außerdem Zellen, die die erfindungsgemäßen Protein-Komponenten exprimieren, sowie Kits, die die erfindungsgemäßen Protein-Komponenten auf DNA-Ebene in Form von geeigneten Expressionsvektoren und gegebenenfalls geeignete transizierbare bzw. infizierbare Zellen bereitstellen. Die bereitgestellten Zellen können gegebenenfalls einzelne erfindungsgemäße Protein-Komponenten stabil oder transient exprimieren.

20

G5-bGal

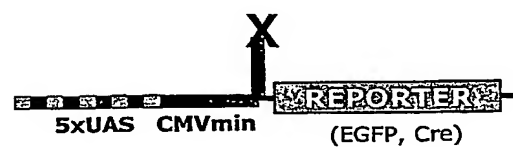
G5-EGFP

G5-Cre



G5C-EGFP

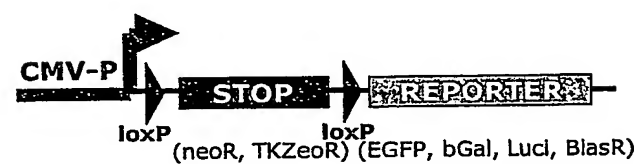
G5C-Cre



CMV-STOP/EGFP

CMV-STOP/bGal

CMV-STOP/BlasR



G



V



GV



G-X



V-Y



Fig. 1

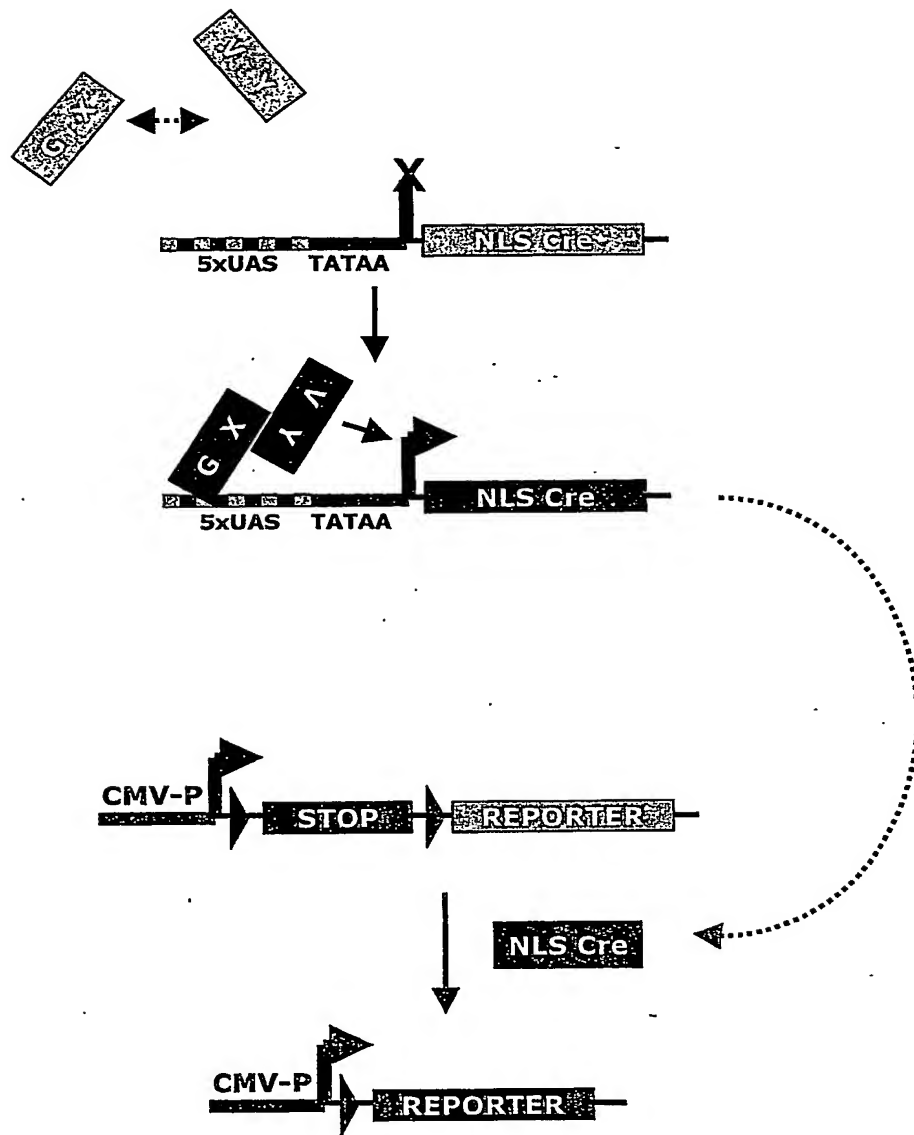


Fig. 2

**PC12 cell line stably
expressing G5C-Cre #20
transfected with CMV-STOP/EGFP**

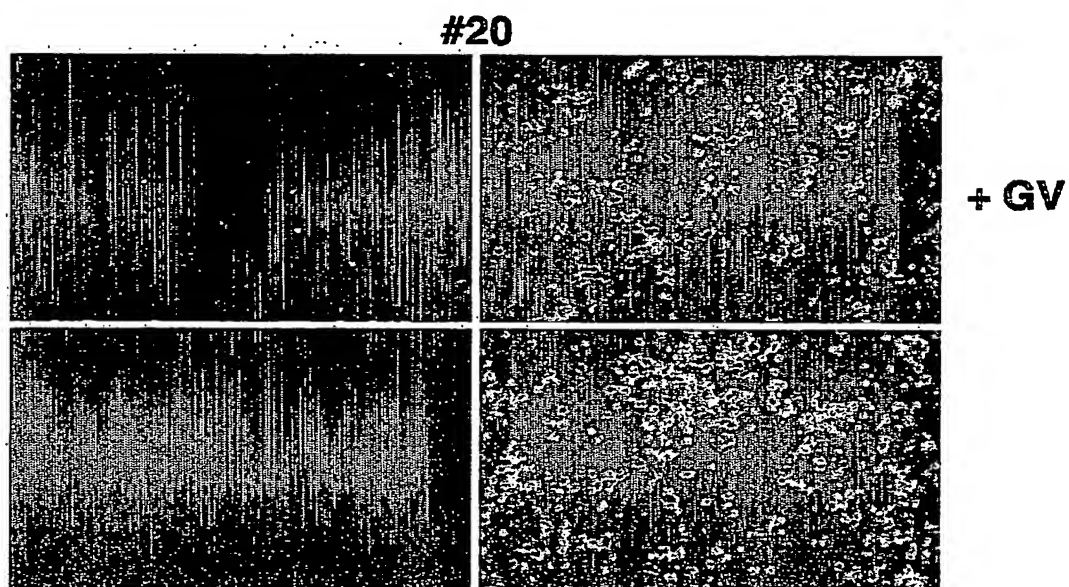


Fig. 3

PC12#20 transfected with CMV-STOP/EGFP
cultured for 3d with NGF

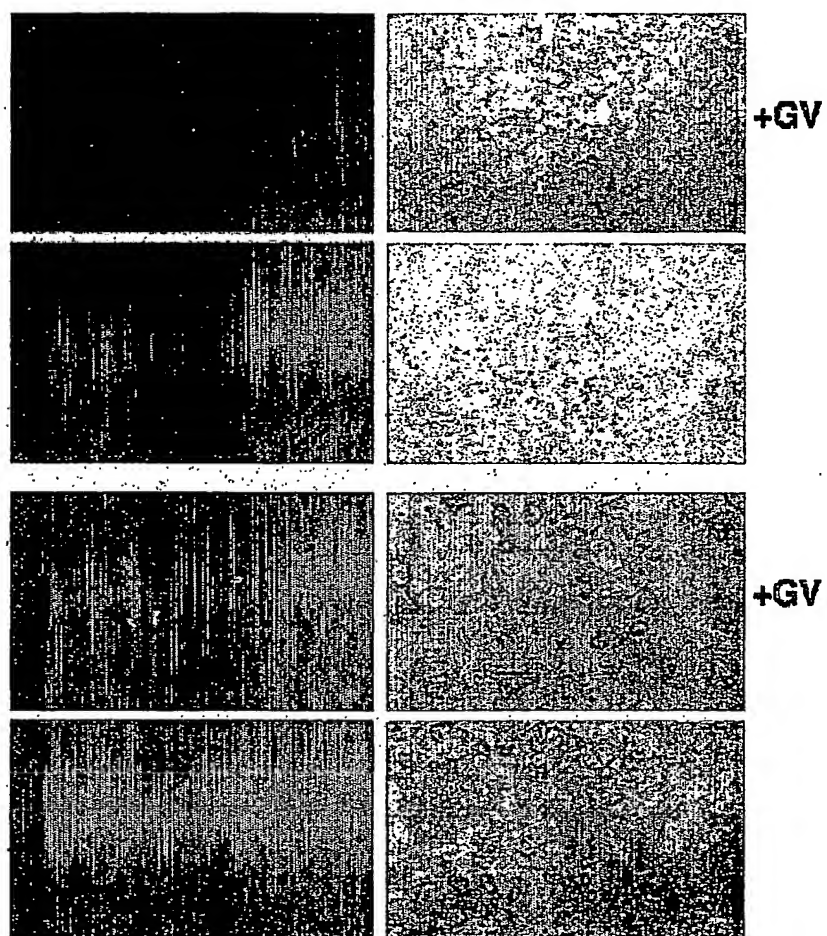


Fig. 4

**PC12 cell line 20.4 stably expresses G5C-Cre,
CMV-STOP/EGFP and CMV-TkZeo/BlasR**

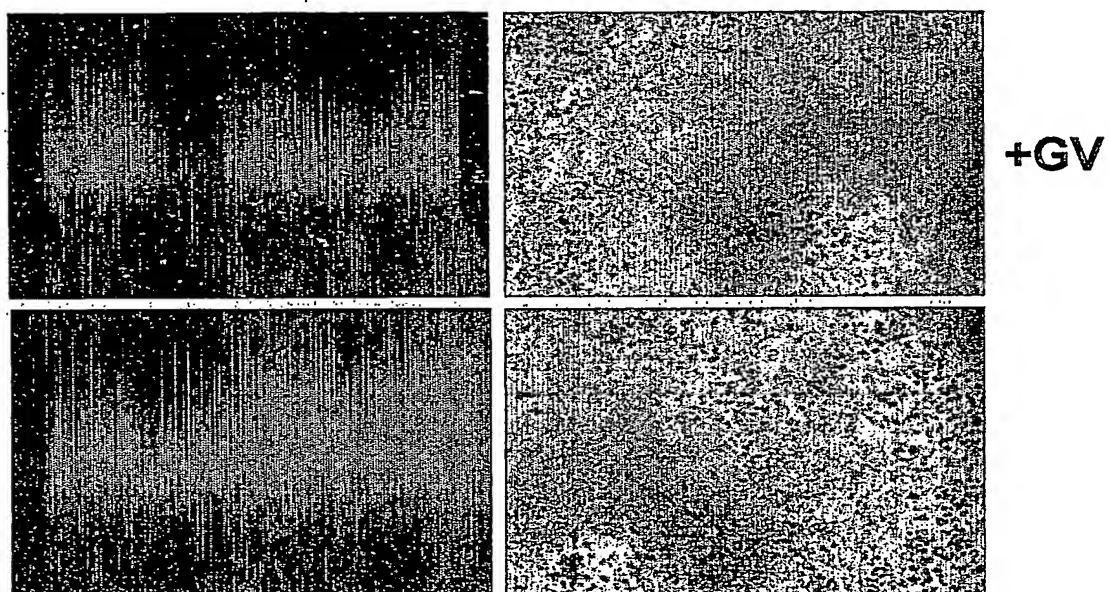


Fig. 5

**PC12 cell line 20.4 stably carries
G5C-Cre, CMV-STOP/EGFP and CMV-TkZeo/BlasR**

**BlasticidinS resistance after GV transfection
4 weeks of selection**

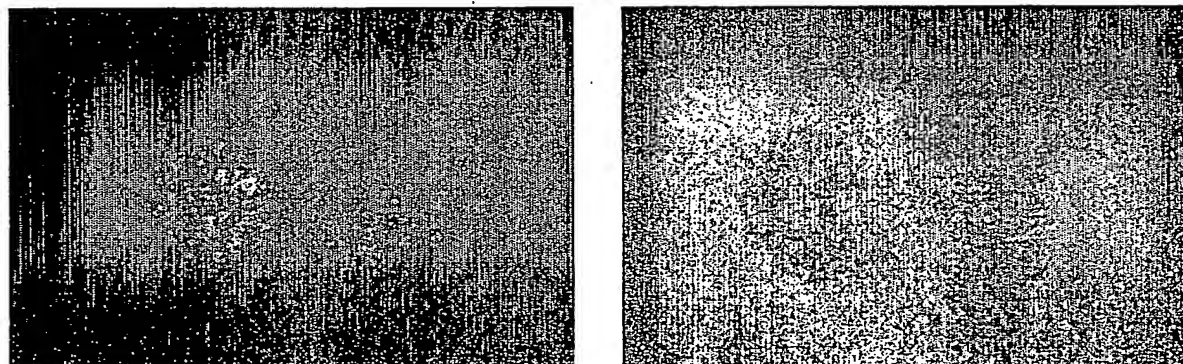


Fig. 6

PC12 20.4

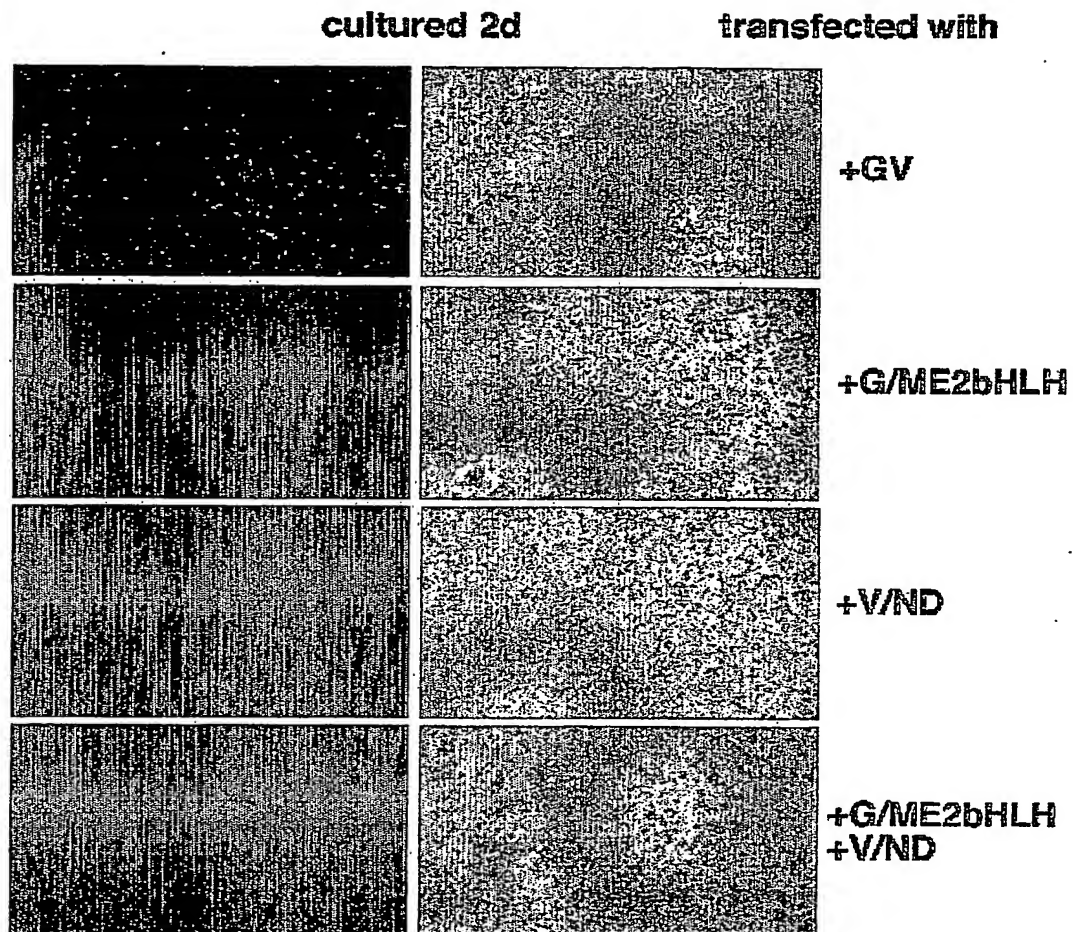


Fig. 7

PC12 20.4

cultured 2d (12h TSA 3uM) transfected with

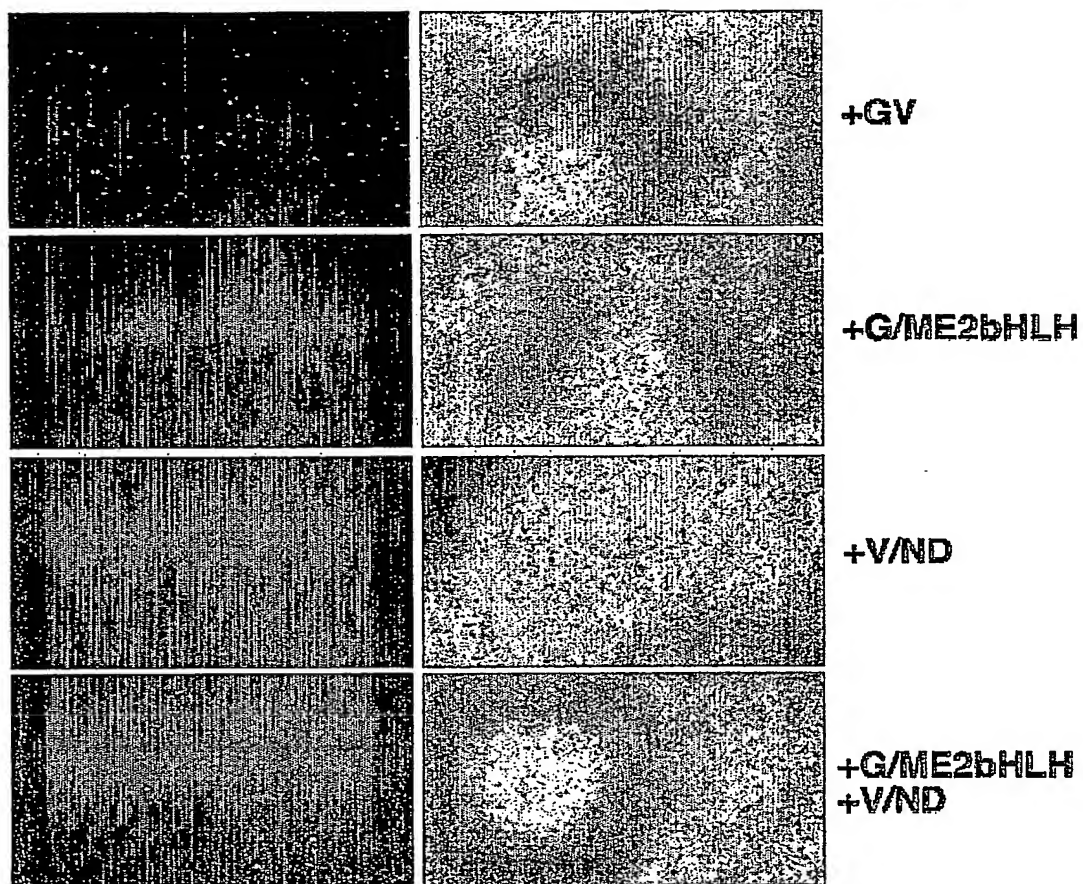


Fig. 8

PC12 20.4

transfected with

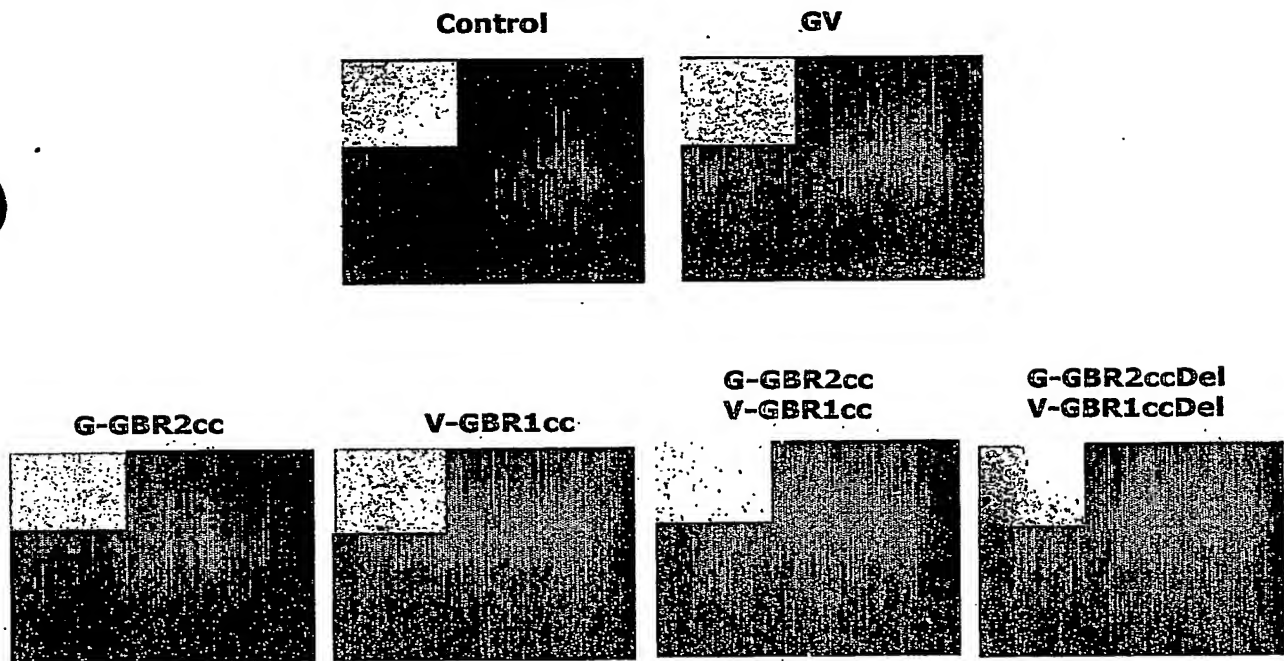


Fig. 9

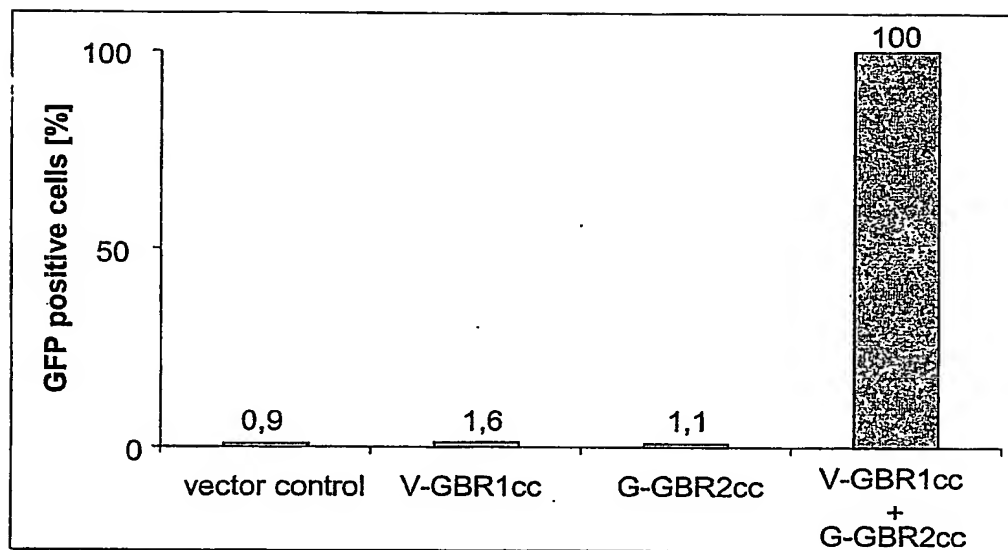


Fig. 10

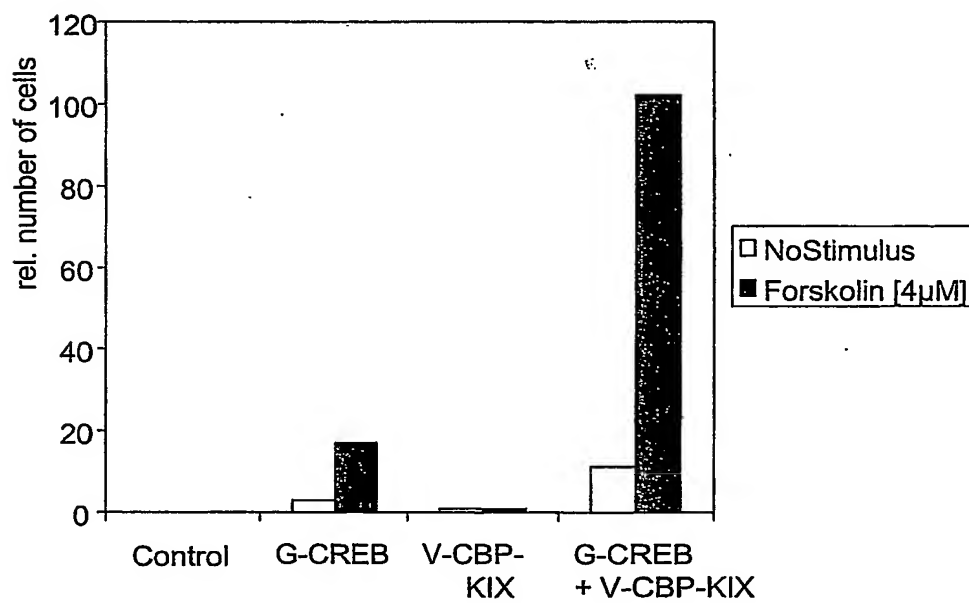
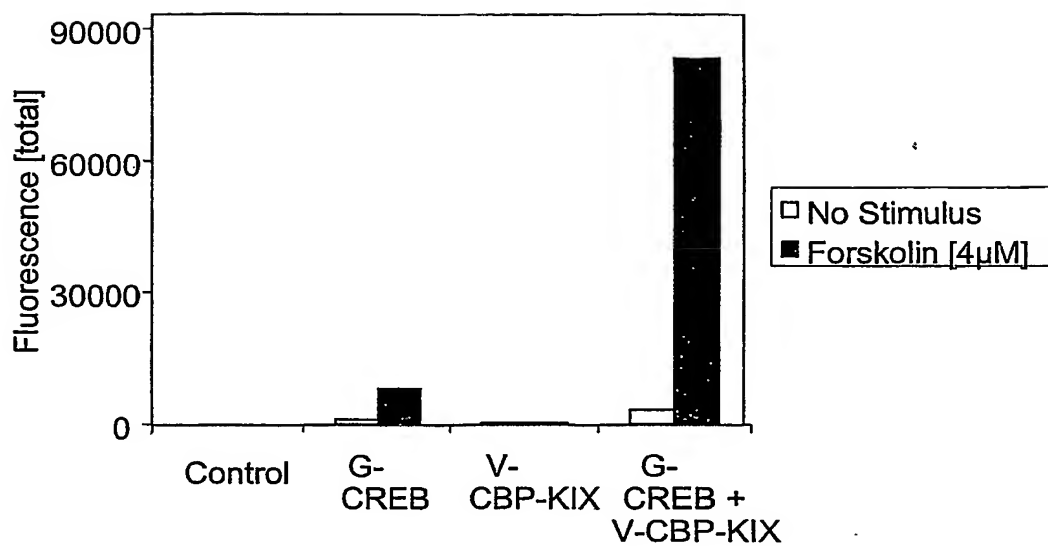


Fig. 12

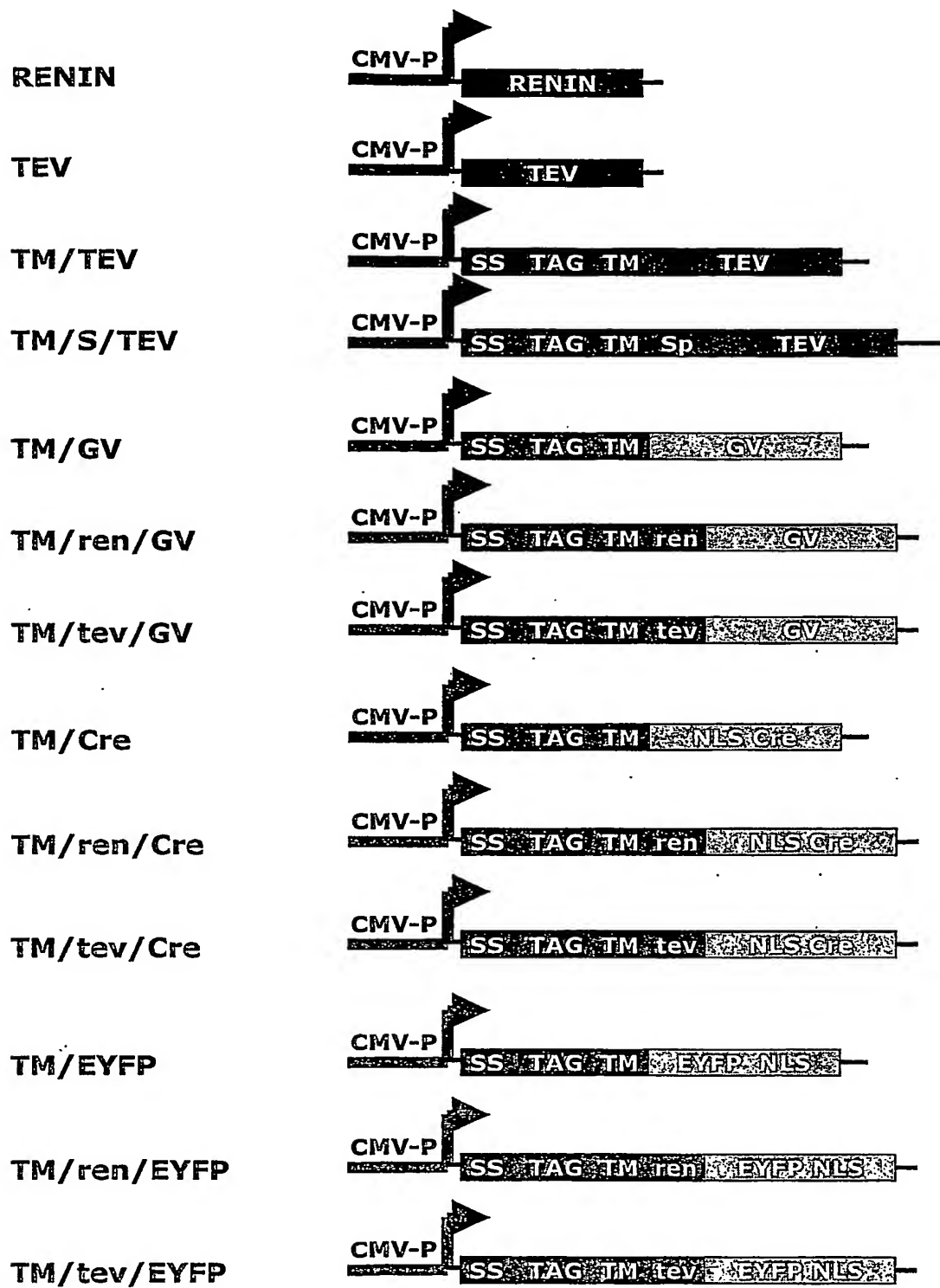


Fig. 13

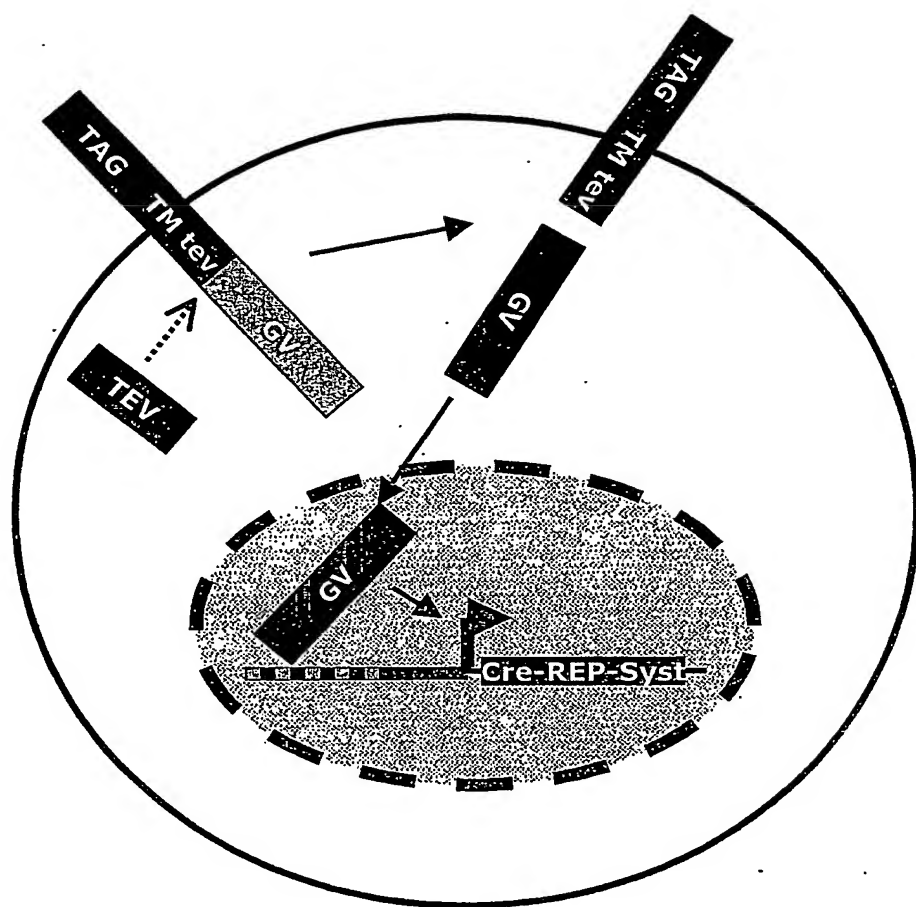


Fig. 14

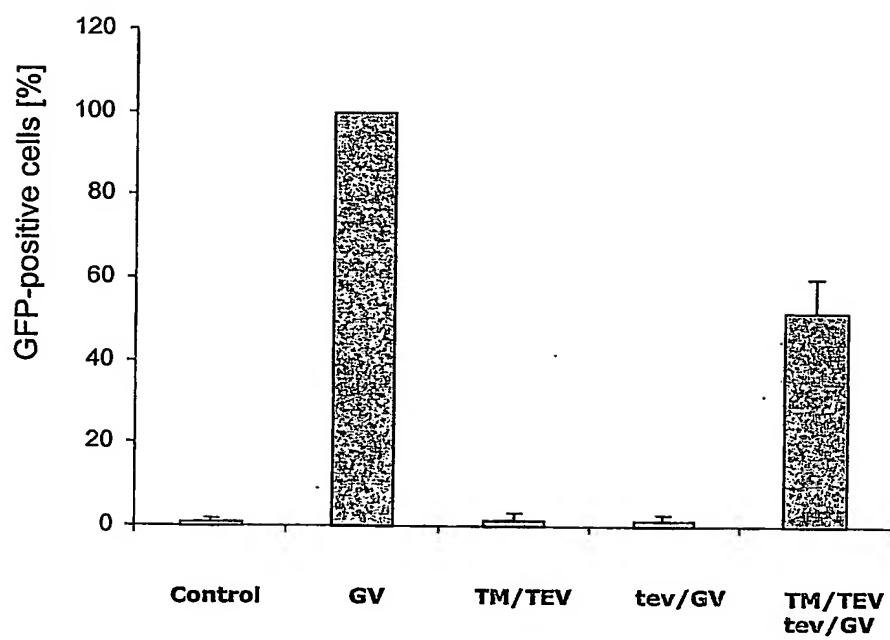


Fig. 15

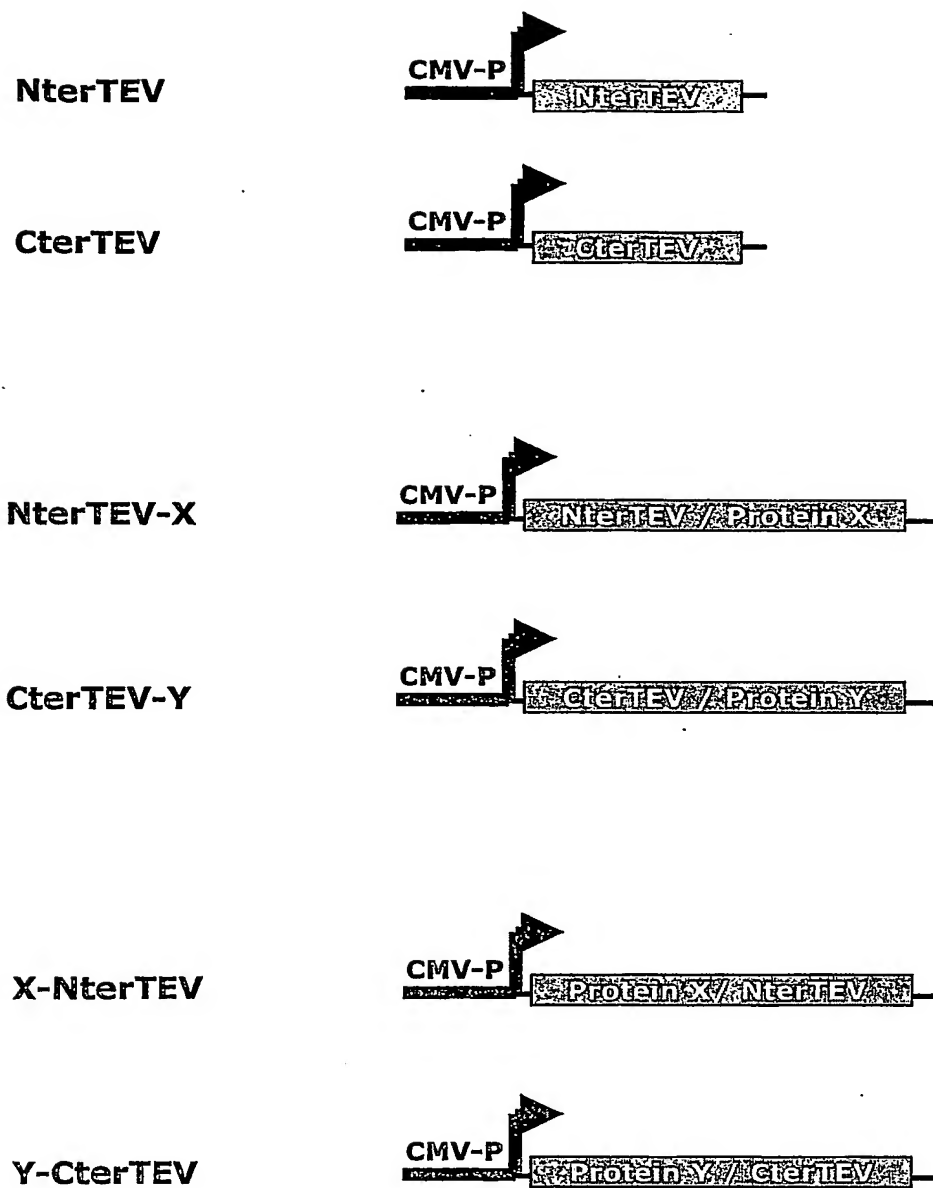


Fig. 16

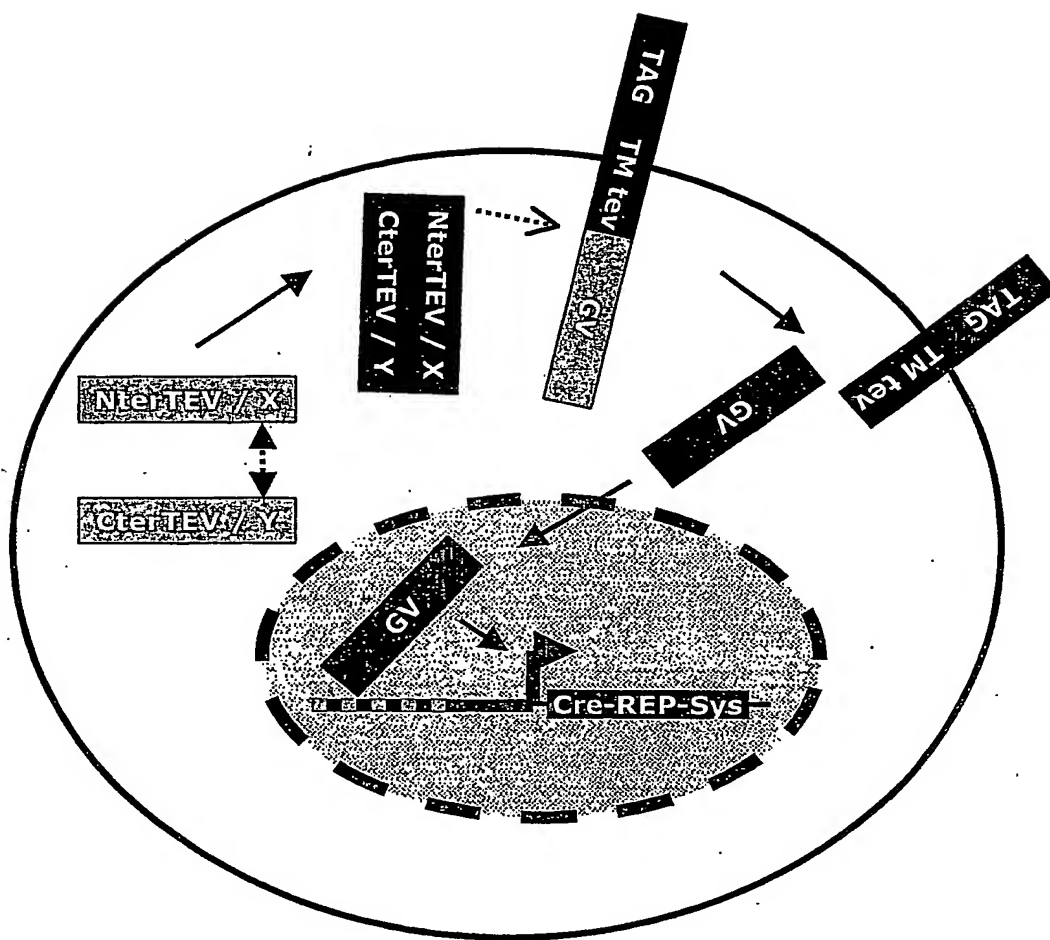


Fig. 17

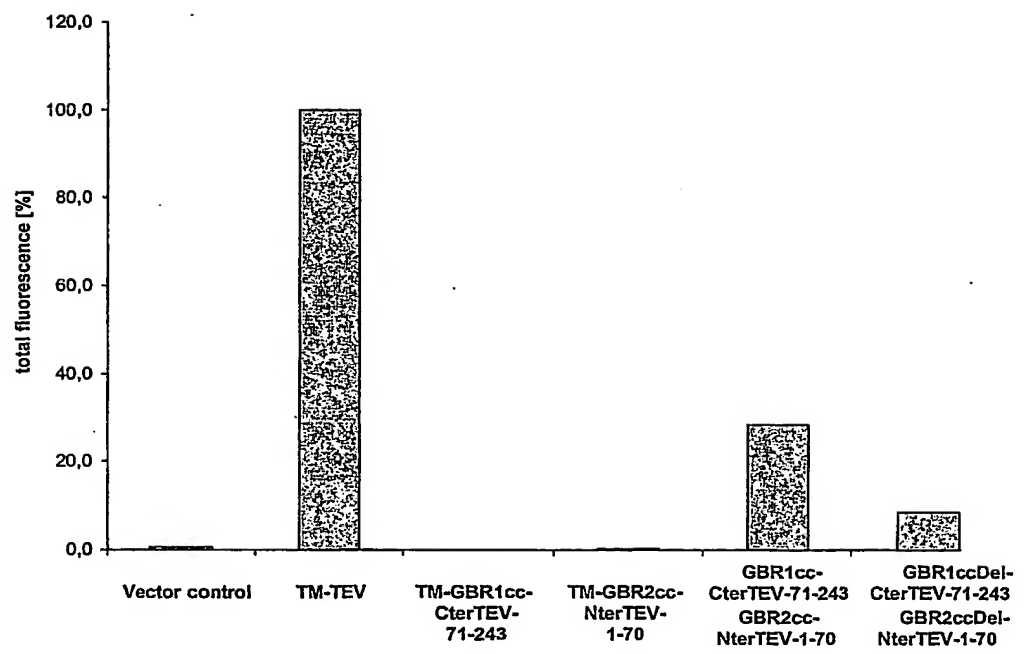


Fig. 18

TtevEV



EYtevFP



Fig. 19

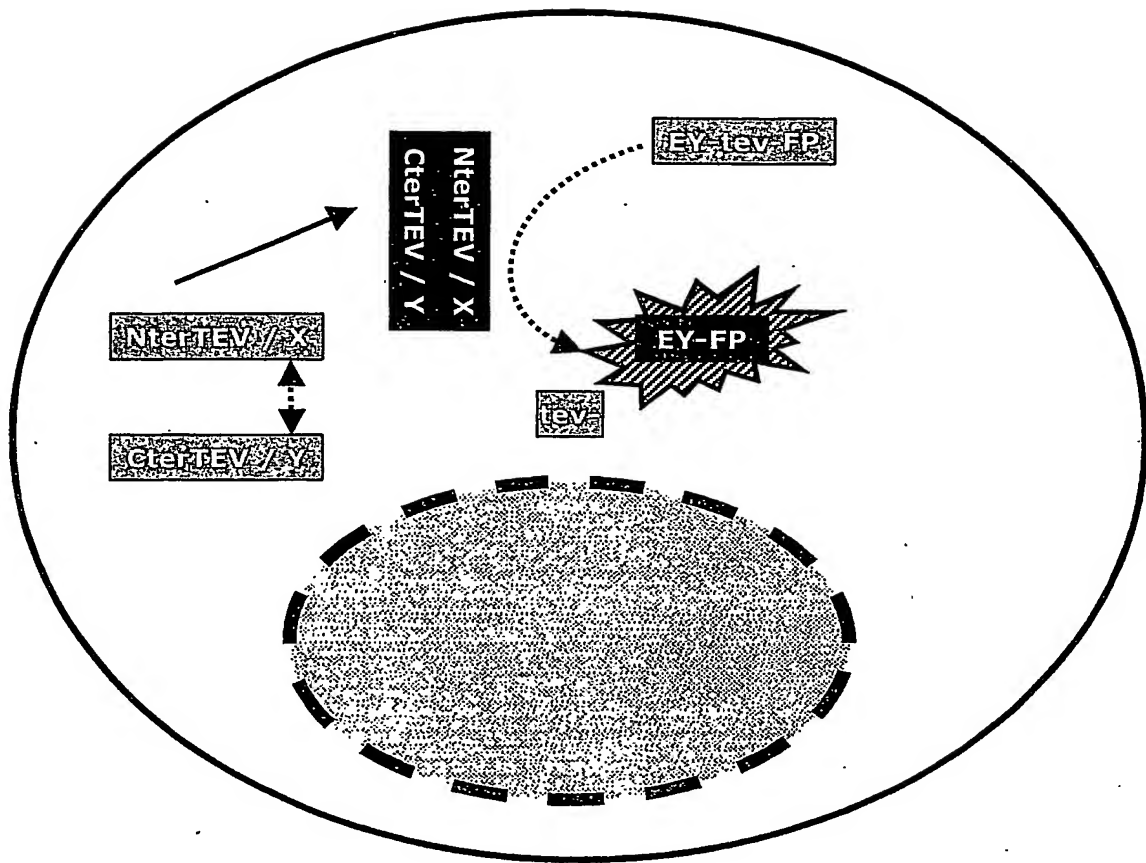


Fig. 20

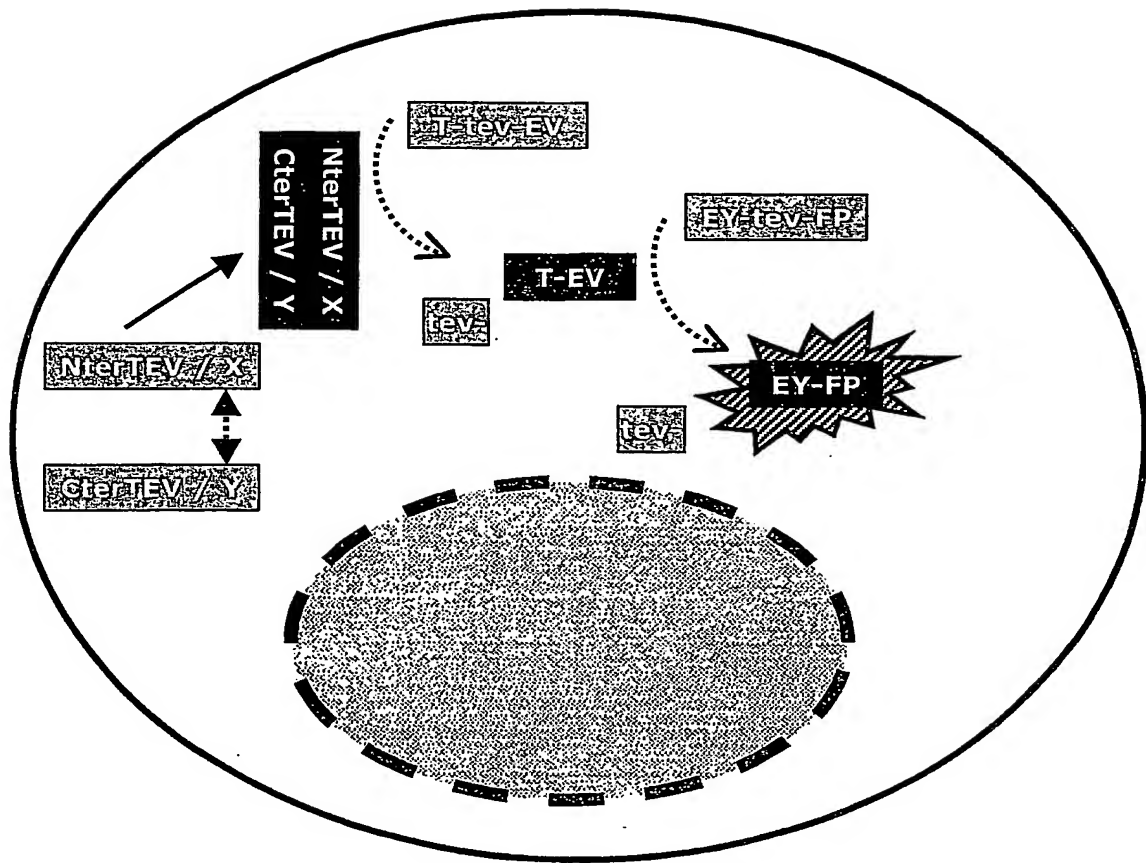


Fig. 21

TEVInh



TEV-X



TEVInh-Y



X-TEV



Y-TEVInh



Fig. 22

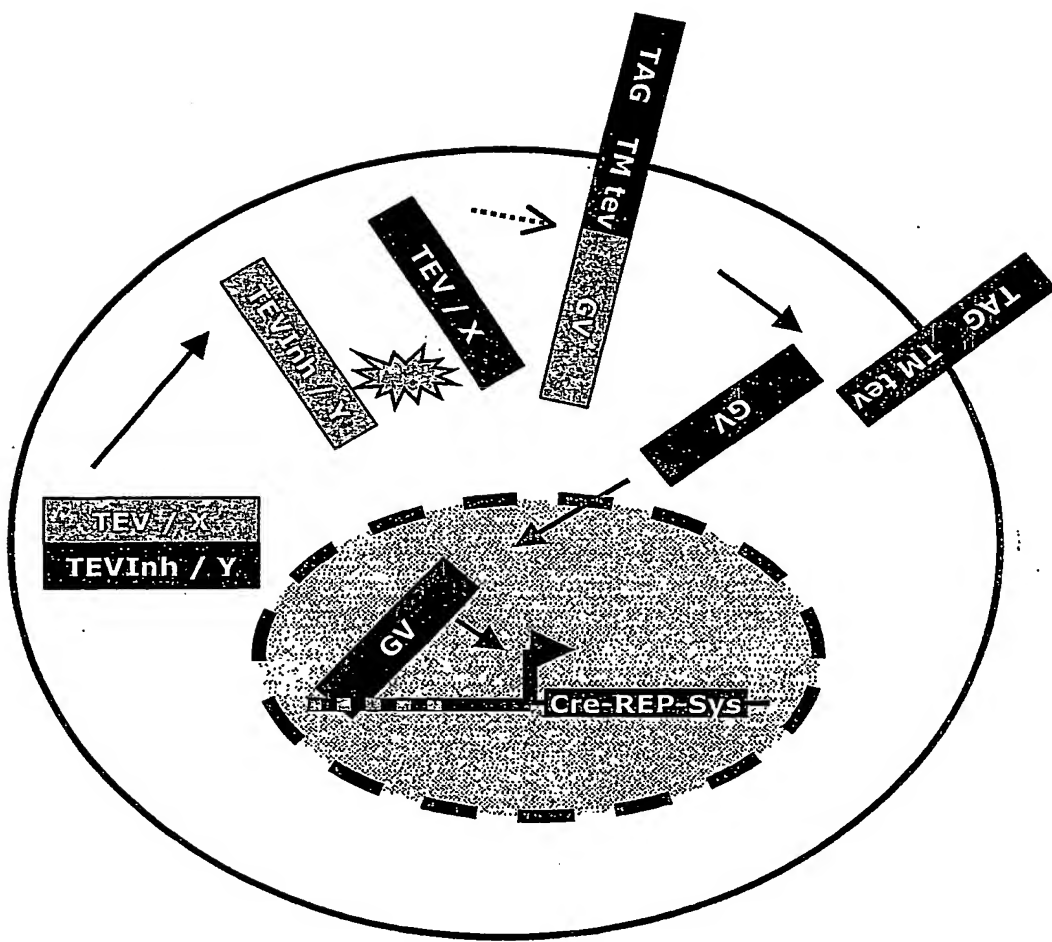
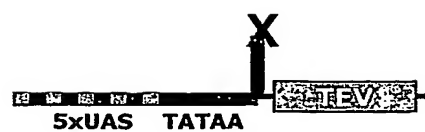


Fig. 23

G5-TEV



G5C-EYFP



BI-G5-TEV-EYFP



Fig. 24

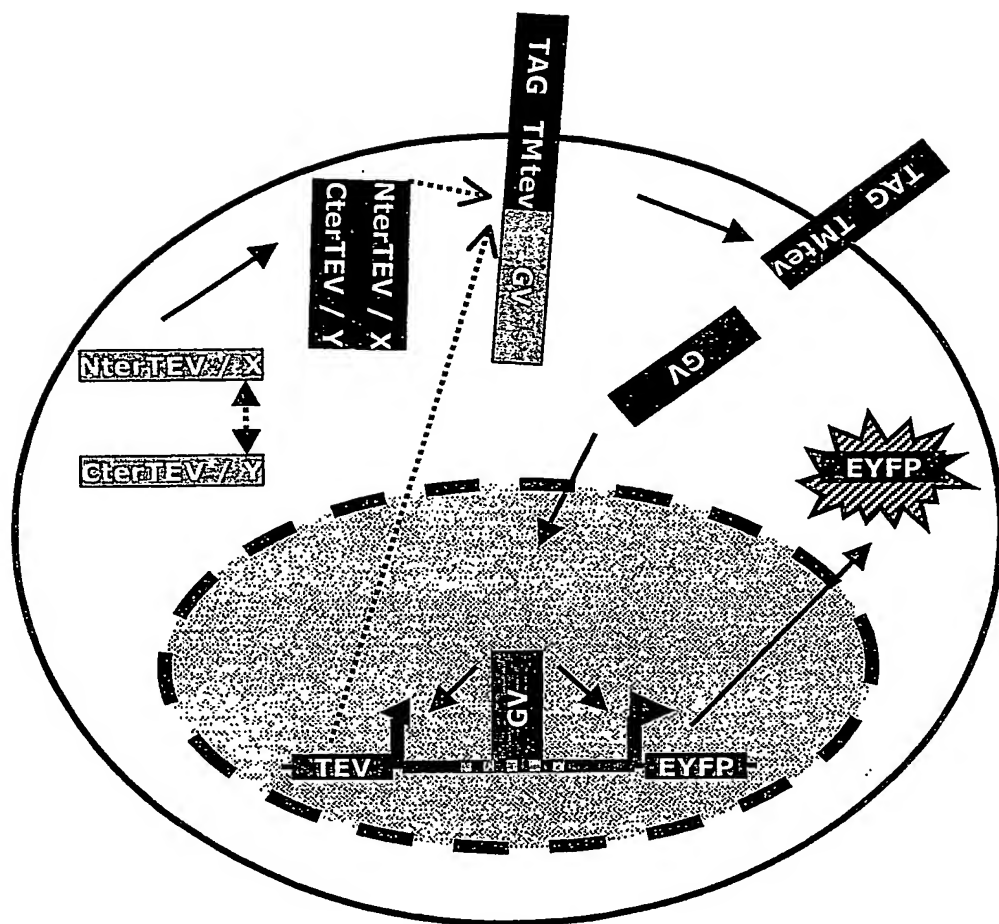


Fig. 25